

Manuale del kit *therascreen*[®] KRAS RGQ PCR



Versione 1

IVD

Diagnostica in vitro qualitativa

Per l'uso con Rotor-Gene[®] Q MDx



REF 874011



QIAGEN Manchester Ltd, Skelton House,
Lloyd Street North, Manchester, M15 6SH, Regno Unito

EC REP

QIAGEN GmbH, QIAGEN Strasse 1, 40724 Hilden,
GERMANIA

R4 **MAT** 1116068IT



Tecnologie per campioni e analisi QIAGEN

QIAGEN è il leader mondiale nelle tecnologie per campioni e analisi destinate all'estrazione e alla purificazione di acidi nucleici a partire da qualsiasi campione biologico. I nostri prodotti e i nostri servizi di alta qualità sono una garanzia di successo, dall'analisi del campione al risultato.

QIAGEN pone nuovi standard:

- nella purificazione di DNA, RNA e proteine
- nell'analisi di acidi nucleici e proteine
- nella ricerca su microRNA e RNAi
- nelle tecnologie automatizzate per campioni e analisi

Il nostro obiettivo è il vostro successo. Per maggiori informazioni, visitate il sito **www.qiagen.com**.

Indice generale

Uso previsto	5
Riassunto e spiegazione	5
Principio della procedura	7
Materiale fornito	10
Contenuto del kit	10
Materiale necessario ma non fornito	11
Avvertenze e precauzioni	12
Informazioni per la sicurezza	12
Precauzioni generali	12
Conservazione e gestione dei reagenti	13
Raccolta dei campioni, preparazione per l'analisi e conservazione	14
Procedura	15
Estrazione del DNA	15
Protocollo: valutazione del campione di DNA	17
Protocollo: rilevazione delle mutazioni KRAS	30
Interpretazione dei risultati	39
Guida alla risoluzione dei problemi	40
Avvisi generati dal software <i>therascreen</i> KRAS Assay Package	41
Controllo di qualità	49
Limitazioni	49
Caratteristiche prestazionali	50
Prestazioni analitiche	50
Limite di sensibilità (LOD)	55
DNA iniziale e linearità	57
Sostanze interferenti	62
Contaminazione crociata	62
Esclusività/reattività crociata	63
Ripetibilità e riproducibilità	65
Variabilità nella gestione dei campioni	68

Equivalenza dei metodi di acquisizione dei campioni (solo NSCLC)	69
Riferimenti bibliografici	70
Simboli	73
Informazioni di contatto	74
Appendice 1: protocollo del kit <i>therascreen</i> KRAS RGQ PCR per la procedura manuale	75
Interpretazione dei risultati (manuale)	90
Impostazioni del software relative all'analisi	90
Analisi dei dati relativi alla valutazione dei campioni	90
Analisi della rilevazione della mutazione KRAS	92
Analisi del campione	94
Appendice 2: installazione del software <i>therascreen</i> KRAS Assay Package	99
Informazioni per gli ordini	102
Cronologia delle revisioni	103

Uso previsto

Il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR è un saggio PCR Real-time di tipo qualitativo che consente di rilevare 7 mutazioni somatiche nei codoni 12 e 13 dell'oncogene KRAS umano utilizzando lo strumento Rotor-Gene Q MDx. Il kit è destinato all'uso con DNA estratto da campioni di tessuto fissati in formalina e inclusi in paraffina (FFPE) di carcinoma coloretale (CRC) o di carcinoma polmonare non a piccole cellule (NSCLC) ottenuti mediante resezione chirurgica, agobiopsia con ago a scatto (CNB) o agoaspirato con ago sottile (FNA).

Le mutazioni somatiche nel gene KRAS sono potenziali biomarcatori predittivi della resistenza alle terapie mirate a contrastare il recettore del fattore di crescita epidermico (EGFR), come le terapie con panitumumab e cetuximab per il trattamento del carcinoma coloretale. Le mutazioni somatiche nel gene KRAS possono essere anche indicate come un potenziale biomarcatore predittivo per fare delle scelte terapeutiche rispetto al trattamento del carcinoma polmonare non a piccole cellule.

Per operare una scelta oculata della terapia, il medico deve tenere conto sia dello stato mutazionale del paziente, sia di altri fattori patologici. La scelta della terapia per i pazienti oncologici non può essere basata unicamente sullo stato mutazionale del gene KRAS.

Il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR non è destinato all'uso per la diagnosi del carcinoma coloretale, del carcinoma polmonare non a piccole cellule né di nessun'altra patologia.

Riassunto e spiegazione

Nei carcinomi umani vengono spesso riscontrate mutazioni nell'oncogene KRAS (1-4). Grazie all'uso delle tecnologie Scorpions® e ARMS® (Amplification Refractory Mutation System) (5, 6), il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR consente di rilevare 7 mutazioni nei codoni 12 e 13 dell'oncogene KRAS su un fondo di DNA genomico wild-type (Tabella 1). Sulla base dei dati contenuti nel database COSMIC (2015 v72), le 7 mutazioni rilevate dal kit *therascreen* KRAS RGQ PCR rappresentano oltre il 95% di tutte le mutazioni KRAS osservate nei pazienti CRC e oltre il 88% di quelle osservate nei pazienti NSCLC (7).

Tabella 1. Elenco delle mutazioni e identità COSMIC

Mutazione	Cambiamento delle basi	ID COSMIC*
GLY12ALA (G12A)	GGT>GCT	522
GLY12ASP (G12D)	GGT>GAT	521
GLY12ARG (G12R)	GGT>CGT	518
GLY12CYS (G12C)	GGT>TGT	516
GLY12SER (G12S)	GGT>AGT	517
GLY12VAL (G12V)	GGT>GTT	520
GLY13ASP (G13D)	GGC>GAC	532

* La fonte degli ID COSMIC è il *Catalogue of Somatic Mutations in Cancer* (7) (www.sanger.ac.uk/genetics/CGP/cosmic).

Il test, caratterizzato da un'elevata specificità e sensibilità, è in grado di rilevare una percentuale bassa di DNA mutante su un fondo di DNA wild-type. A condizione che vi sia un numero sufficiente di copie di DNA, è possibile rilevare lo 0,8% di mutante in un fondo di DNA genomico wild-type (per conoscere il limite di sensibilità per ogni mutazione, vedere "Caratteristiche prestazionali", pagina 50).

Il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR è utilizzato in una procedura basata sulla reazione a catena della polimerasi (Polymerase Chain Reaction, PCR). Tra i vantaggi offerti da questo kit ci sono l'elevata specificità per il target, la rapidità e l'efficienza e l'assenza di soggettività nella determinazione dei risultati.

Principio della procedura

Il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR utilizza le 2 tecnologie ARMS e Scorpions per consentire la rilevazione delle mutazioni tramite PCR Real-time.

Miscela di reazione delle mutazioni

Ogni miscela di reazione utilizza un primer ARMS specifico della mutazione per amplificare il DNA mutato e successivamente un primer Scorpions per rilevare il prodotto dell'amplificazione.

ARMS

La tecnologia ARMS realizza l'amplificazione allele-specifica sfruttando la capacità della *Taq* DNA polimerasi di distinguere tra una base appaiata e una base non appaiata all'estremità in 3' di un primer per PCR. Quando il primer è perfettamente appaiato, l'amplificazione procede con la massima efficienza. Quando la base in 3' presenta un appaiamento errato, può avvenire soltanto un'amplificazione di basso livello sul fondo. Viene dunque amplificata selettivamente una sequenza mutata specifica, anche in quei campioni nei quali la maggior parte del DNA non contiene la mutazione.

Scorpions

La tecnologia Scorpions consente di rilevare il risultato dell'amplificazione. Il termine Scorpions è utilizzato per descrivere molecole a doppia funzione che contengono un primer per PCR legato covalentemente a una sonda. Nella sonda sono incorporati il fluoroforo carbossifluoresceina (FAMTM) e un quencher. Quest'ultimo ha il compito di sopprimere la fluorescenza del fluoroforo. Quando la sonda si lega all'amplicone ARMS durante la reazione PCR, il fluoroforo e il quencher si scindono determinando un aumento rilevabile della fluorescenza.

Formato del kit

Il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR contiene 8 saggi:

- 1 saggio di controllo (miscela reazione di controllo; CTRL)
- 7 saggi di mutazione (12ALA, 12ASP, 12ARG, 12CYS, 12SER, 12VAL, 12ASP)

Le miscele delle reazioni sono duplex: contengono i reagenti marcati con FAM per rilevare i target e un controllo interno marcato con HEXTM. I reagenti delle miscele delle reazioni e dei controlli positivi contengono il buffer Tris EDTA, mentre il controllo positivo contiene il Carrier RNA Poly A.

Saggi

Il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR prevede una procedura suddivisa in 2 fasi: nella prima fase viene eseguito il saggio di controllo, in modo da valutare la quantità totale di DNA KRAS amplificabile in un campione; nella seconda fase vengono eseguiti i saggi di mutazione e controllo, in modo da determinare la presenza o l'assenza di DNA mutante.

Reazione di controllo

La miscela della reazione di controllo (CTRL) utilizza un primer Scorpions e un primer non marcato per amplificare una breve sequenza dell'esone 4 del gene KRAS. La reazione di controllo consente di determinare se nel campione è presente un livello di DNA amplificabile, oltre a rappresentare un fattore di cui si tiene conto nei calcoli analitici per determinare lo stato mutazionale.

Saggio di controllo

Il saggio di controllo, marcato con FAM, consente di valutare la quantità totale di DNA KRAS amplificabile in un campione. Il saggio di controllo amplifica una regione dell'esone 4 nel gene KRAS. I primer e la sonda Scorpions sono formulati in modo tale che l'amplificazione possa avere luogo in modo indipendente da eventuali polimorfismi noti del gene KRAS.

Saggi di mutazione

Ogni saggio di mutazione contiene una sonda Scorpions marcata con FAM e un primer ARMS per la discriminazione tra il DNA wild-type e un DNA con una mutazione specifica.

Controlli

Nota: tutte le sedute analitiche devono includere sia controlli positivi che controlli negativi.

Controllo interno

Ogni miscela di reazione contiene un controllo interno, oltre alla reazione target. Un errore indica la possibile presenza di inibitori, che possono indurre risultati imprecisi, o un possibile errore commesso dall'operatore nella fase di configurazione del processo per la provetta interessata. Se l'errore del controllo interno è causato dall'inibizione della PCR, diluendo il campione potrebbe ridursi l'effetto degli inibitori. Tuttavia in questo modo anche il DNA target viene diluito. Il kit contiene una provetta di acqua per la diluizione del

campione (Dil.). È necessario diluire i campioni con l'acqua per diluizione campioni (Dil.).

Controllo positivo

Per ogni seduta è necessario includere un controllo positivo nelle provette 1-5. Il kit *therascreen* KRAS RGQ contiene il controllo positivo (Positive Control, PC) KRAS, da utilizzare come template nella reazione di controllo positivo. I risultati del controllo positivo verranno valutati per confermare se il kit funziona secondo i criteri di accettabilità dichiarati.

Controllo negativo

Per ogni seduta è necessario includere un controllo negativo senza template ("no template control", NTC) nelle provette 9-13. Il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR contiene acqua da utilizzare come "template" per il controllo NTC. Il controllo NTC serve per valutare sia le potenziali contaminazioni durante la configurazione del processo, sia le prestazioni della reazione di controllo interno.

Valutazione del campione

La miscela della reazione di controllo (CTRL) fornita con il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR consente la valutazione del DNA di KRAS totale amplificabile in un campione. Il saggio di controllo amplifica una regione dell'esone 4 nel gene KRAS. È consigliabile configurare i campioni con il solo saggio di controllo, utilizzando il controllo positivo (PC) KRAS e l'acqua come controllo senza template (NTC).

Piattaforma e software

Il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR è formulato in modo specifico per l'uso con lo strumento Rotor-Gene Q MDx. Il software Rotor-Gene Q e il *therascreen* KRAS Assay Package sono disponibili per il download da Internet o separatamente su CD.

La manutenzione degli strumenti Rotor-Gene Q MDx deve rispettare i requisiti descritti nel manuale utente dello strumento specifico. Per informazioni riguardanti lo strumento, consultare il manuale utente dello strumento specifico.

Per informazioni riguardanti l'installazione, vedere "Appendice 2: installazione del software *therascreen* KRAS Assay Package" a pagina 99.

Materiale fornito

Contenuto del kit

therascreen KRAS RGQ PCR Kit				(24)
N° di catalogo				874011
Numero di preparazioni				24
Colore	Descrizione	ID provetta		Volume
Rosso	Control Reaction Mix (Miscela reazione di controllo)	1	CTRL	2 × 600 µl
Viola	12ALA Reaction Mix (Miscela reazione 12ALA)	2	12ALA	600 µl
Arancione	12ASP Reaction Mix (Miscela reazione 12ASP)	3	12ASP	600 µl
Rosa	12ARG Reaction Mix (Miscela reazione 12ARG)	4	12ARG	600 µl
Verde	12CYS Reaction Mix (Miscela reazione 12CYS)	5	12CYS	600 µl
Giallo	12SER Reaction Mix (Miscela reazione 12SER)	6	12SER	600 µl
Grigio	12VAL Reaction Mix (Miscela reazione 12VAL)	7	12VAL	600 µl
Blu	13ASP Reaction Mix (Miscela reazione 13ASP)	8	13ASP	600 µl
Beige	KRAS Positive Control (Controllo positivo KRAS)	9	PC	250 µl
Verde menta	Taq DNA Polymerase (Taq DNA polimerasi)		Taq	80 µl
Bianco	Water for NTC (Acqua per controllo senza templato)		NTC	1,9 ml
Bianco	Water for Sample Dilution (Acqua per diluizione campioni)		Dil.	1,9 ml
therascreen KRAS RGQ PCR Kit Handbook (manuale in inglese)				1

Materiale necessario ma non fornito

Durante la manipolazione di sostanze chimiche, è opportuno indossare sempre un camice da laboratorio, guanti monouso e occhiali protettivi. Per maggiori informazioni, consultare le schede di sicurezza sul prodotto (SDS) disponibili presso il fornitore.

Reagenti

- QIAamp® DNA FFPE Tissue Kit (n. cat. 56404; vedere "Estrazione del DNA" a pagina 15)
- Xilene
- Etanolo (96-100%)*

Materiali di consumo

- Puntali per pipette sterili con filtro (per evitare contaminazioni crociate, è consigliabile utilizzare puntali per pipette dotati di barriere anti-aerosol)
- Provette sterili per microcentrifuga per la preparazione delle soluzioni Master Mix
- 0.1 ml Strip Tubes and Caps (strisce di provette da 0,1 ml e tappi), per l'uso con il rotore a 72 pozzetti (n. cat. 981103 o 981106)

Attrezzatura

- Strumento Rotor-Gene Q MDx con canali di fluorescenza per Cycling Green e Cycling Yellow (rilevazione di FAM ed HEX, rispettivamente)
- Software Rotor-Gene Q versione 2.3 con KRAS Assay Package (versione 3.1.1) installato per la rilevazione automatizzata della mutazione (vedere "Appendice 2: installazione del software *therascreen* KRAS Assay Package", pagina 99)

Nota: è possibile utilizzare il software Rotor-Gene Q senza KRAS Assay Package per la rilevazione manuale della mutazione. Vedere "Appendice 1: protocollo del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR per la procedura manuale", pagina 75.

* Non utilizzare alcol denaturato, che contiene altre sostanze come il metanolo o il metiletilchetone (MEK).

- Thermomixer*, incubatore ad agitazione orbitale riscaldato, blocco riscaldante o bagnomaria in grado di sostenere un'incubazione a 56°C e a 90°C
- Centrifuga da tavolo* con rotore per provette da 1,5 ml
- Vortex da tavolo*
- Pipette dedicate (regolabili) per la preparazione dei campioni*
- Pipette dedicate (regolabili) per la preparazione della soluzione Master Mix PCR*
- Pipette dedicate (regolabili) per l'aliquotazione del DNA template*

Avvertenze e precauzioni

Per uso diagnostico in vitro

Informazioni per la sicurezza

Durante la manipolazione di sostanze chimiche, è opportuno indossare sempre un camice da laboratorio, guanti monouso e occhiali protettivi. Per maggiori informazioni, consultare le schede di sicurezza sul prodotto (SDS). Le schede sono disponibili online nel pratico formato PDF sul sito **www.qiagen.com/safety**, dove è possibile cercare, visualizzare e stampare la scheda SDS di ogni kit e di ogni componente del kit QIAGEN.

Precauzioni generali

L'utente deve prestare sempre attenzione alle seguenti precauzioni:

- Conservare ed estrarre il materiale positivo (campioni e controlli positivi) separatamente da tutti gli altri reagenti e aggiungerli alla miscela di reazione in un'area del laboratorio separata.
- Agire con la massima cautela in modo da prevenire la contaminazione delle reazioni PCR con il materiale di controllo sintetico. Si raccomanda l'uso di pipette dedicate per la preparazione delle miscele delle reazioni e l'aggiunta del DNA template. La preparazione e l'aliquotazione delle miscele di reazione devono essere eseguite in un'area del laboratorio separata dall'area in cui avviene l'aggiunta del template. Non aprire le provette Rotor-Gene Q dopo che la seduta PCR è terminata. In questo

* Assicurarsi che gli strumenti siano stati controllati e calibrati nel rispetto delle istruzioni del produttore.

modo è possibile prevenire la contaminazione da laboratorio con i prodotti post-PCR.

- I reagenti del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR sono diluiti in percentuali ottimali. L'ulteriore diluizione dei reagenti è sconsigliata, in quanto potrebbe provocare un deterioramento delle prestazioni. L'uso di volumi delle reazioni inferiori a 25 µl è sconsigliato, in quanto potrebbe aumentare il rischio di risultati falsi negativi.
- Tutti i reagenti del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR sono formulati in modo specifico per prestazioni ottimali. Tutti i reagenti forniti nel kit sono destinati esclusivamente all'uso con gli altri reagenti del medesimo kit *therascreen* KRAS RGQ PCR. Se si desidera mantenere un livello di prestazioni ottimale, non sostituire nessuno dei reagenti del kit.
- Utilizzare soltanto la *Taq* DNA polimerasi (*Taq*) fornita nel kit. Non sostituirla con *Taq* DNA polimerasi di altri kit dello stesso tipo o di qualsiasi altro tipo o con *Taq* DNA polimerasi di altri fornitori.

Conservazione e gestione dei reagenti

Il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR viene spedito in ghiaccio secco. Qualora uno dei componenti del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR non dovesse essere congelato alla consegna, o la confezione esterna dovesse essersi aperta durante il tragitto, o la scatola non dovesse contenere la nota di accompagnamento, il manuale o i reagenti, contattare uno dei reparti del servizio tecnico QIAGEN o il distributore locale (vedere il retro di copertina o visitare il sito www.qiagen.com).

Alla consegna riporre immediatamente il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR in un congelatore termoregolato e conservarlo tra -30°C e -15°C al riparo dalla luce. Evitare di esporre alla luce diretta i primer Scorpions (e in generale tutte le molecole marcate con fluorescenza) in modo da prevenire il loro fotodecadimento e il deterioramento delle prestazioni.

Se conservato alle condizioni consigliate nella confezione originale, il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR è stabile fino alla data di scadenza indicata. Evitare di scongelare e congelare ripetutamente. Non superare il numero massimo di 6 cicli di congelamento/scongelamento.

Raccolta dei campioni, preparazione per l'analisi e conservazione

Nota: tutti i campioni devono essere trattati come materiale potenzialmente infettivo.

Il materiale campione deve essere DNA genomico umano estratto da tessuto FFPE. Il trasporto deve avvenire secondo la metodologia di patologia standard per garantire la qualità dei campioni.

I campioni tumorali sono eterogenei e i dati ottenuti da un campione tumorale potrebbero non concordare con i dati ottenuti da altre sezioni dello stesso tumore. I campioni tumorali possono inoltre contenere tessuto non tumorale. È possibile che il DNA appartenente al tessuto non tumorale non contenga le mutazioni rilevate dal kit *therascreen* KRAS RGQ PCR.

Preparazione dei campioni tissutali

Nota: gli scalpellini devono essere asciutti. Non svolgere questa procedura sotto una cappa a flusso laminare o aspirante.

- Utilizzando uno scalpellino nuovo per ogni campione, raschiare il tessuto tumorale dalle sezioni e raccoglierlo in provette per microcentrifuga etichettate.

Preparazione di campioni di tessuto per l'estrazione del DNA (CRC)

- Utilizzando materiali e metodi standard, fissare il campione di tessuto in formalina 10% neutra tamponata e includere il campione di tessuto in paraffina. Utilizzando un microtomo tagliare sezioni seriali di 5 µm dal blocco di paraffina e montarle su vetrini di vetro.
- Affidare a un professionista qualificato (ad esempio, un patologo) lo studio di una sezione colorata con ematossilina ed eosina (EE) per valutare il contenuto tumorale e determinare l'area. Contrassegnare il vetrino colorato per distinguere il tumore dal tessuto normale. Utilizzare sezioni seriali per l'estrazione del DNA.
- Utilizzare sezioni con un contenuto tumorale che rappresenti oltre il 20% dell'area, quindi sottoporle a trattamento senza macrodissezione (vedere sotto).
- Nel caso di sezioni con un contenuto tumorale che rappresenti meno del 20% dell'area, macrodissezionare una o più sezioni. Scartare il tessuto non tumorale.

- Nel caso di sezioni che hanno un'area inferiore a 4 mm², trattare due o più sezioni in modo da aumentare l'area tumorale totale fino a 4 mm² almeno (vale per entrambi i tipi di campioni, con e senza macrodissezione). Scartare il tessuto non tumorale.
- Raschiare via la paraffina in eccesso dal tessuto utilizzando uno scalpello nuovo sterile.

Preparazione di campioni di tessuto per l'estrazione del DNA (NSCLC)

- Utilizzando materiali e metodi standard, fissare il campione di tessuto in formalina 10% neutra tamponata e includere il campione di tessuto in paraffina. Utilizzando un microtomo tagliare sezioni seriali di 5 µm dal blocco di paraffina e montarle su vetrini di vetro.
- Richiedere ad un professionista qualificato (ad esempio, un patologo) di valutare la presenza del tumore osservando una sezione colorata con EE. Utilizzare sezioni seriali per l'estrazione del DNA.
- Raschiare via la paraffina in eccesso dal tessuto utilizzando uno scalpello nuovo sterile.

Conservazione

Conservare i blocchi FFPE e i vetrini a temperatura ambiente. I vetrini possono essere conservati a temperatura ambiente per un massimo di 4 settimane prima dell'estrazione del DNA.

Il DNA genomico può essere conservato tra 2°C e 8°C per 1 settimana dopo l'estrazione e, successivamente, tra -25°C e -15°C per un massimo di 8 settimane prima dell'uso.

Procedura

Estrazione del DNA

Le caratteristiche prestazionali del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR sono state generate usando DNA estratto con il prodotto QIAamp DNA FFPE Tissue Kit (n. cat. 56404). Se si utilizza il QIAamp DNA FFPE Tissue Kit, l'estrazione del DNA deve essere eseguita nel rispetto delle istruzioni contenute nel manuale, osservando quanto segue.

Estrazione del DNA (campioni CRC)

- È possibile utilizzare il QIAamp DNA FFPE Tissue Kit solo manualmente.
- Non utilizzare il passaggio relativo all'RNasi descritto nel manuale del kit QIAamp per l'estrazione di DNA da tessuti FFPE (*QIAamp DNA FFPE Tissue Kit Handbook*).
- Non utilizzare la soluzione di deparaffinazione QIAGEN. Per la deparaffinazione utilizzare esclusivamente il metodo con xilene/etanolo descritto nel manuale del kit QIAamp per l'estrazione di DNA da tessuti FFPE.
- La digestione con proteinasi K (passaggio 11 del manuale del kit QIAamp per l'estrazione di DNA da tessuti FFPE) deve durare 1 ora.
- L'eluizione dei campioni deve avvenire in 200 µl di tampone di eluizione (ATE), contenuto in QIAamp DNA FFPE Tissue Kit.

Estrazione del DNA (campioni NSCLC)

- Usare 2 sezioni di 5 µm per estrazione.
- È possibile utilizzare il QIAamp DNA FFPE Tissue Kit solo manualmente.
- Non utilizzare il passaggio relativo all'RNasi descritto nel manuale del kit QIAamp per l'estrazione di DNA da tessuti FFPE (*QIAamp DNA FFPE Tissue Kit Handbook*).
- Non utilizzare la soluzione di deparaffinazione QIAGEN inclusa nel QIAamp DNA FFPE Tissue Kit. Per la deparaffinazione utilizzare esclusivamente il metodo con xilene/etanolo descritto nel manuale del kit QIAamp per l'estrazione di DNA da tessuti FFPE.
- La digestione con proteinasi K (passaggio 11 del manuale del kit QIAamp per l'estrazione di DNA da tessuti FFPE) deve durare 1 ora.
- Aggiungere 60 µl di tampone di eluizione (ATE) da QIAamp DNA FFPE Tissue Kit e incubare per 2,5 minuti a temperatura ambiente.
- Centrifugare alla massima velocità per 1 minuto.
- Aggiungere altri 60 µl di tampone di eluizione (ATE) da QIAamp DNA FFPE Tissue Kit e incubare per 2,5 minuti a temperatura ambiente.
- Centrifugare alla massima velocità per 1 minuto.

Protocollo: valutazione del campione di DNA

Questo protocollo consente di valutare il DNA totale amplificabile presente nei campioni, mediante l'uso del modello KRAS CE Sample Assessment Locked Template (Assay Package) per la valutazione automatizzata del campione.

Nota: per la valutazione manuale del campione, vedere "Appendice 1: protocollo del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR per la procedura manuale", pagina 75.

Punti importanti prima di iniziare

- La miscela della reazione di controllo (CTRL) disponibile è sufficiente per valutare 24 campioni al massimo.
- Utilizzare la miscela CTRL per valutare il DNA prima di eseguire i test.
- **Nota:** è importante che per effettuare questa valutazione si utilizzi la miscela CTRL nel modo descritto di seguito, invece della spettrofotometria o di altri metodi alternativi. Il DNA fortemente degradato potrebbe non amplificarsi, anche se i primer generano piccoli frammenti di DNA.
- Per un utilizzo efficiente dei reagenti nel kit *therascreen* KRAS RGQ PCR, è consigliabile raggruppare il più possibile i campioni di DNA in batch e formare sedute complete. Analizzando i campioni singolarmente o a piccoli gruppi si consuma una maggiore quantità di reagenti e, conseguentemente, si riduce il numero di campioni che complessivamente possono essere analizzati con un unico kit *therascreen* KRAS RGQ PCR.
- Assicurarsi che sia installato il software *therascreen* KRAS Assay Package corretto, corrispondente alla versione del software Rotor-Gene Q, prima di utilizzare per la prima volta lo strumento Rotor-Gene Q MDx (vedere "Appendice 2: installazione del software *therascreen* KRAS Assay Package", pagina 99).

Procedura

1. **Lasciare scongelare completamente a temperatura ambiente (15-30°C) per almeno 1 ora la miscela CTRL, l'acqua priva di nucleasi per il controllo senza templat (NTC) e il controllo positivo (PC) KRAS.**
- **Nota:** portare la *Taq* DNA polimerasi (*Taq*) a temperatura ambiente (15-30°C) contemporaneamente agli altri reagenti (vedere "Conservazione e gestione dei reagenti", pagina 13). Centrifugare brevemente la provetta affinché l'enzima si depositi sul fondo.

I tempi per lo scongelamento dei reagenti, l'allestimento della PCR e la conservazione prima dell'avvio della seduta sono indicati nella Tabella 2.

Nota: eseguire l'allestimento della PCR a temperatura ambiente.

Tabella 2. Tempi di scongelamento, tempi di allestimento della PCR e temperature di conservazione

Tempo di scongelamento		Temperatura di conservazione* dopo allestimento PCR	Tempi massimi per allestimento PCR e conservazione
Minimo	Massimo		
1 ora	4,5 ore	Temperatura ambiente (15-30°C)	7 ore
1 ora	4,5 ore	2-8°C	18 ore

* Il termine "conservazione" si riferisce al tempo compreso tra il completamento dell'allestimento PCR e l'inizio della seduta PCR sullo strumento Rotor-Gene Q MDx.

1. **Miscelare i reagenti scongelati capovolgendo ogni provetta 10 volte per prevenire concentrazioni localizzate di sali, quindi centrifugare brevemente per far depositare il contenuto sul fondo della provetta.**

Nota: non agitare in vortex la *Taq* DNA polimerasi (*Taq*) o qualsiasi miscela contenente *Taq*, in quanto l'enzima potrebbe inattivarsi.

2. **Preparare miscele sufficienti (miscela della reazione di controllo [CTRL] più *Taq* DNA polimerasi [*Taq*]) facendo riferimento ai volumi indicati nella Tabella 3 per:**

- tutti i campioni di DNA
- 1 reazione di controllo positivo (PC) KRAS
- 1 reazione di acqua priva di nucleasi per il controllo senza template (NTC)
- 1 campione extra, per fornire una quantità più che sufficiente per l'allestimento PCR

La miscela Master Mix contiene tutti i componenti necessari per la PCR, tranne il campione.

Tabella 3. Preparazione della miscela Master Mix per il saggio di controllo

Componente	Volume
Miscela CTRL	$19,76 \mu\text{l} \times (n+1)^*$
<i>Taq</i> DNA polimerasi (<i>Taq</i>)	$0,24 \mu\text{l} \times (n+1)^*$
Volume totale	20 μl/reazione

* n = numero di reazioni (campioni più controlli).

Preparare le soluzioni Master Mix in quantità sufficiente per un campione extra (n+1), in modo da avere a disposizione un'eccedenza per l'allestimento PCR.

Il valore n non deve superare 24 (più i controlli), in quanto 24 è il numero massimo di campioni che possono essere inclusi in una seduta.

Nota: durante la preparazione della soluzione Master Mix, dapprima viene aggiunto nella provetta il volume richiesto di miscela CTRL e in ultimo viene aggiunta la *Taq* DNA polimerasi (*Taq*).

Nota: pipettare la *Taq* DNA polimerasi inserendo delicatamente il puntale della pipetta appena sotto la superficie del liquido, per evitare che il puntale si cosparga di enzima in eccesso.

- 3. Caricare il numero necessario di strisce di 4 provette per PCR (ogni striscia ha 4 provette) sul blocco di caricamento in base alla disposizione illustrata nella Tabella 4. Non tappare le provette.**

Nota: lasciare i tappi nel contenitore di plastica finché non servono.

Tabella 4. Disposizione delle provette sul blocco di caricamento per la seduta di valutazione dei campioni di DNA

Saggio									
Controllo	1 (PC)	9	17	25	–	–	–	–	–
Controllo	2 (NTC)	10	18	26	–	–	–	–	–
Controllo	3	11	19	–	–	–	–	–	–
Controllo	4	12	20	–	–	–	–	–	–
Controllo	5	13	21	–	–	–	–	–	–
Controllo	6	14	22	–	–	–	–	–	–
Controllo	7	15	23	–	–	–	–	–	–
Controllo	8	16	24	–	–	–	–	–	–

* I numeri identificano le posizioni nel blocco di caricamento e indicano la posizione finale sul rotore.

- Impostare una pipetta su un volume inferiore rispetto al volume totale della soluzione Master Mix della reazione, quindi miscelare con cura aspirando completamente in su e in giù per 10 volte.**
- Aggiungere immediatamente 20 µl di Master Mix in ogni provetta della striscia per PCR.**
- Nota:** per conoscere la disposizione delle provette, fare riferimento alla Tabella 4. Per la valutazione del campione di DNA, la soluzione Master Mix del saggio di controllo deve essere aggiunta a una provetta PC, una provetta NTC e una provetta per ogni campione di DNA.
- Aggiungere immediatamente 5 µl di acqua priva di nucleasi per controllo senza template (NTC) nella provetta NTC (posizione provetta 2) e chiudere con il tappo.**
- Aggiungere 5 µl di ogni campione di DNA nelle provette dei campioni (posizioni provette 3-26) e chiudere con i tappi.**
- Aggiungere 5 µl di controllo positivo (PC) KRAS nella provetta PC (posizione provetta 1) e chiudere con il tappo.**

Ogni provetta dovrebbe contenere un volume della reazione totale pari a 25 µl (20 µl di Master Mix preparati nella Tabella 3, più 5 µl di NTC/campione/PC).

9. Con un pennarello indelebile contrassegnare i coperchi delle prime provette nella posizione numerica più bassa di ogni striscia di 4 provette per PCR (cioè le posizioni 1, 5, 9 ecc.) per mostrare l'orientamento con cui devono essere caricate le provette sul rotore a 72 pozzetti dello strumento Rotor-Gene Q MDx.
10. Capovolgere 4 volte le provette tappate per miscelare bene il campione e la miscela della reazione.
11. Inserire tutte le strisce di 4 provette per PCR nelle posizioni corrette del rotore a 72 pozzetti, rispettando la disposizione della seduta (Tabella 4) e seguendo i segni di orientamento.

Nota: se il rotore non è completamente pieno, è necessario occupare tutte le posizioni libere del rotore con una provetta vuota tappata. In questo modo viene assicurata l'efficienza termica dello strumento Rotor-Gene Q MDx.
12. Caricare il rotore a 72 pozzetti sullo strumento Rotor-Gene Q MDx. Assicurarsi che l'anello bloccante (accessorio dello strumento Rotor-Gene Q MDx) sia posizionato sopra al rotore, in modo da tenere ferme le provette durante la seduta.
13. Avviare il software Rotor-Gene Q e contemporaneamente aprire il modello facendo doppio clic sull'icona "therascreen KRAS QC Locked Template" sul desktop del portatile che è collegato allo strumento Rotor-Gene Q MDx (Figura 1).



Figura 1. L'icona "therascreen KRAS QC Locked Template".

14. La scheda “Setup” (Impostazione) viene visualizzata per impostazione predefinita (Figura 2). Verificare che l’anello bloccante sia posizionato correttamente e selezionare la casella “Locking Ring Attached” (Anello bloccante collegato). Chiudere il coperchio dello strumento Rotor-Gene Q MDx.

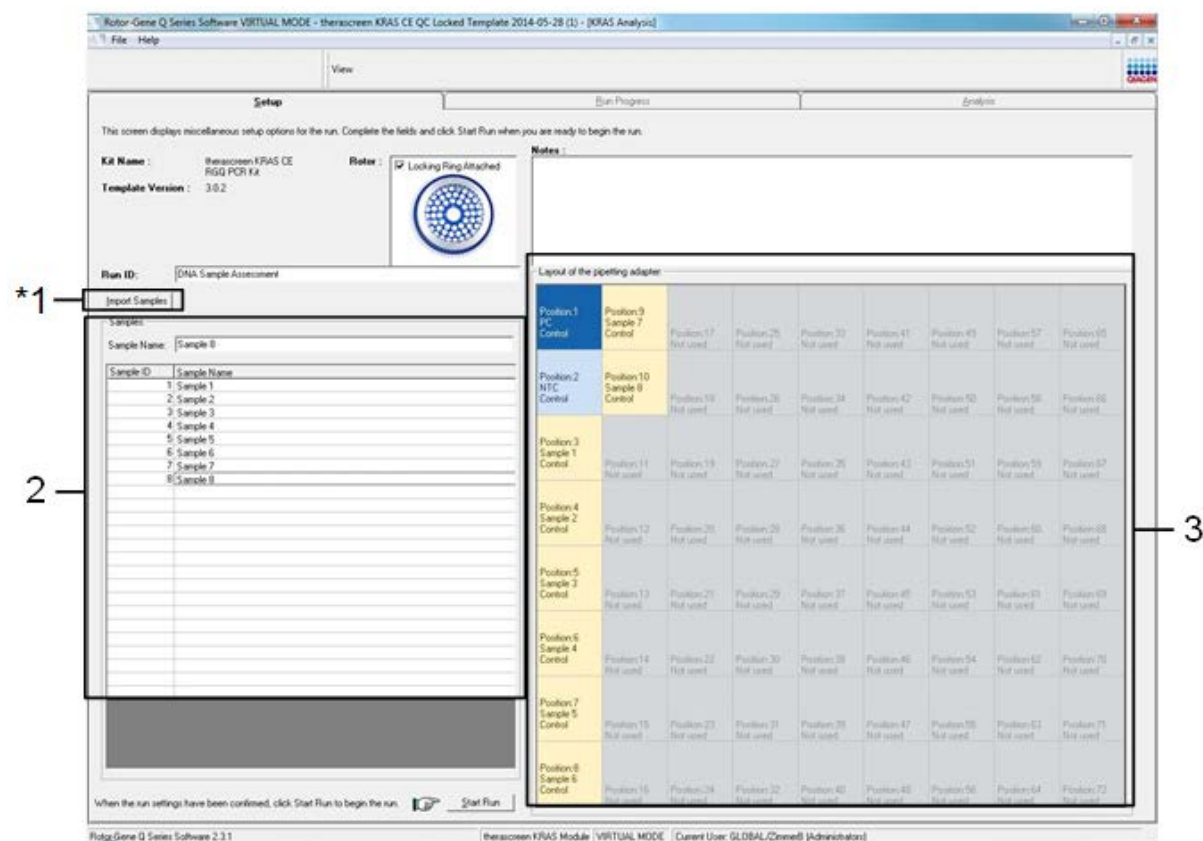


Figura 2. La scheda “Setup” (Impostazione) e la casella “Locking Ring Attached” (Anello bloccante collegato). 1 = scheda “Setup” (Impostazione); 2 = casella “Locking Ring Attached” (Anello bloccante collegato).

15. Immettere l'ID della seduta nel campo "Run ID" (ID seduta) in base alle convenzioni di denominazione locali. Immettere il nome del campione nel campo "Sample Name" (Nome campione) in base alle convenzioni di denominazione locali, quindi premere il tasto Invio.

Il nome del campione verrà aggiunto all'elenco dei campioni in basso e al campione verrà assegnato un "Sample ID" (ID campione) del tipo 1, 2, 3 e così via. Inoltre il riquadro "Layout of the pipetting adapter" (Configurazione dell'adattatore di pipettamento) sul lato destro verrà aggiornato e includerà il nome del campione (Figura 3).

In alternativa, è possibile importare i campioni salvati in formato *.smp (file campione Rotor-Gene Q) o *.csv (valori separati da virgola) utilizzando il pulsante "Import Samples" (Importa campioni). Questo metodo consente di popolare automaticamente i nomi dei campioni.

Nota: nel riquadro "Layout of the pipetting adapter" (Configurazione dell'adattatore di pipettamento) verificare che il nome del campione appena aggiunto sia evidenziato da un cambio di colore e che il nome del campione compaia nella posizione assegnata al campione (Figura 3).

Nota: i campioni i cui nomi sono composti da più di 8 caratteri potrebbero non essere visualizzati per intero nel riquadro "Layout of the pipetting adapter" (Configurazione dell'adattatore di pipettamento).

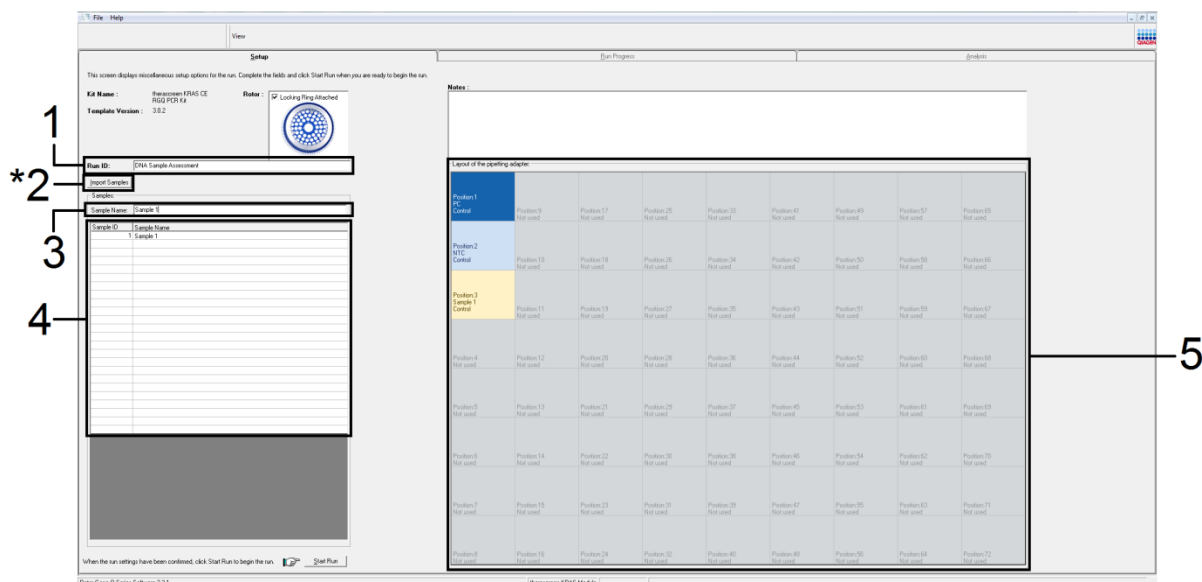


Figura 3. Immissione di ID della seduta e nome del campione nei campi appropriati.

1 = campo "Run ID" (ID seduta); 2 = pulsante "Import Samples" (Importa campioni); 3 = campo "Sample Name" (Nome campione); 4 = elenco campioni; 5 = riquadro "Layout of the pipetting adapter" (Configurazione dell'adattatore di pipettamento).

16. Ripetere il passaggio 16 per immettere i nomi di tutti gli altri campioni (Figura 4).

Nota: per modificare il nome di un campione, fare clic su di esso nell'elenco dei campioni; il nome del campione selezionato verrà visualizzato nel campo "Sample Name" (Nome campione), appena sopra l'elenco. Modificare il nome del campione rispettando le convenzioni di denominazione locali, quindi premere il tasto Invio per rendere effettiva la modifica.

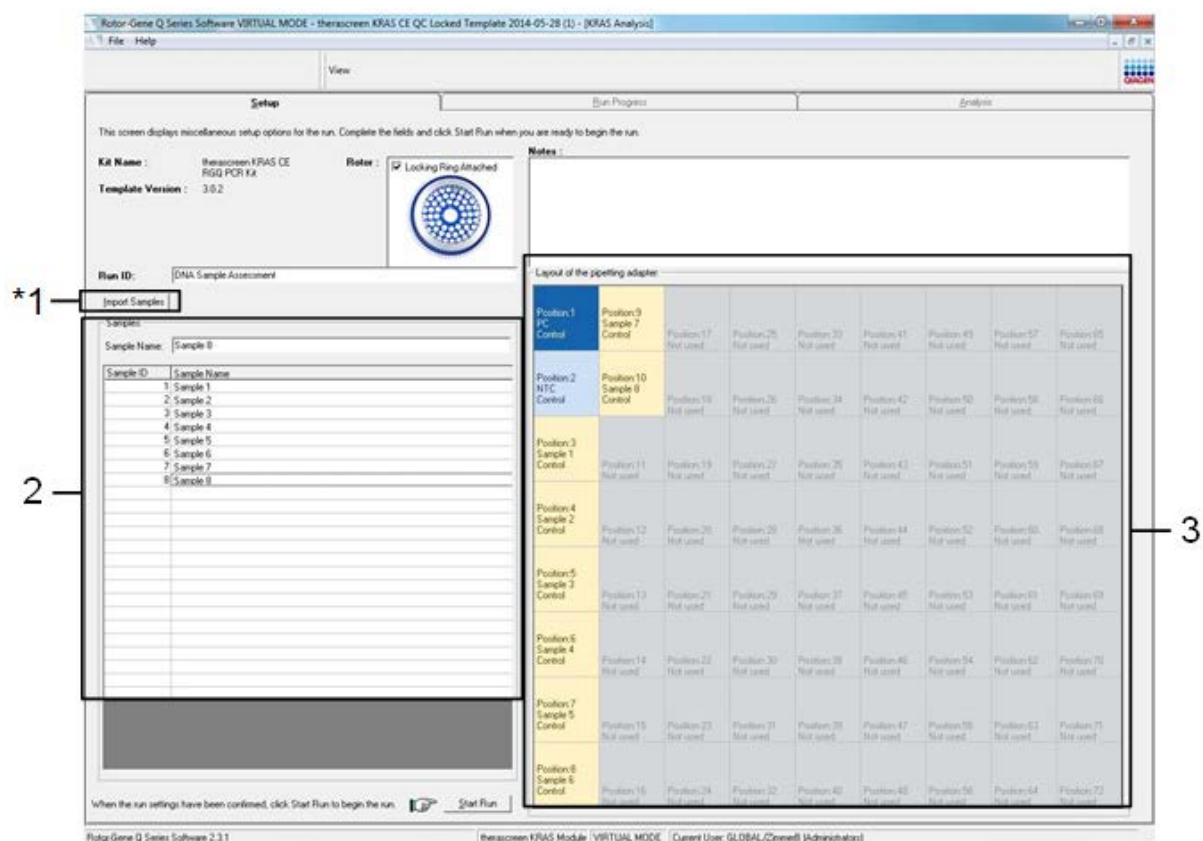


Figura 4. Immissione di altri nomi di campioni nel campo appropriato. * 1 = pulsante "Import Sample" (Importa campione); 2 = campo "Sample Name" (Nome campione) ed elenco campioni; 3 = riquadro "Layout of the pipetting adapter" (Configurazione dell'adattatore di pipettamento) con ulteriori nomi di campioni.

17. Dopo aver immesso i nomi di tutti i campioni, verificare che siano corretti. Se necessario, aggiungere ulteriori informazioni nel campo “Notes” (Annotazioni) e fare clic su “Start Run” (Avvia seduta) (Figura 5).

Nota: se qualche posizione del rotore è inutilizzata, viene visualizzato un “Warning” (Avvertenza) (Figura 5 e Figura 6) per ricordare all’utente che è necessario occupare tutte le posizioni del rotore, eventualmente con una provetta vuota tappata. Assicurarsi che tutte le posizioni del rotore prima inutilizzate siano ora occupate con una provetta vuota tappata, quindi fare clic su “OK” per proseguire.

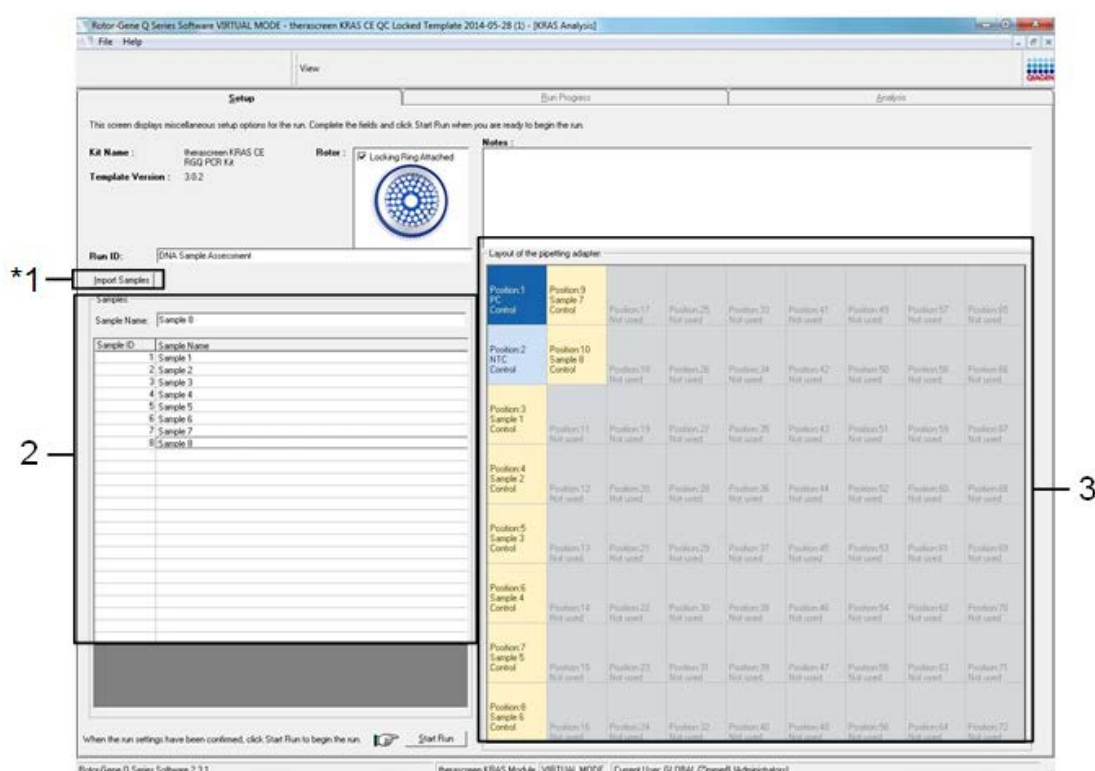


Figura 5. Campo riservato alle annotazioni, pulsante di avvio della seduta e avvertenza relativa alle posizioni del rotore inutilizzate.

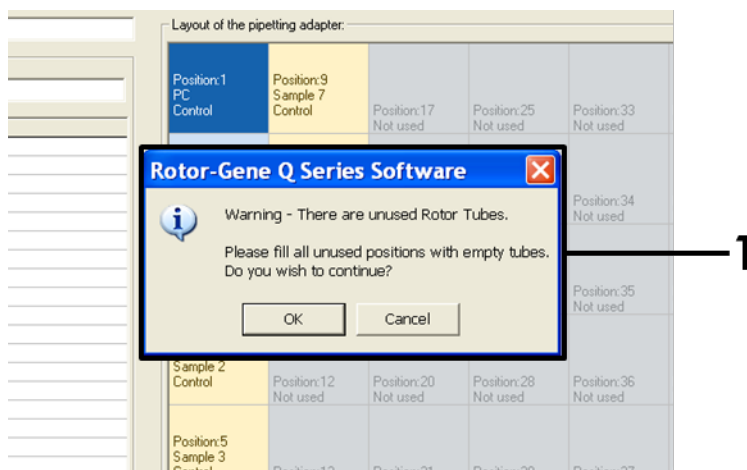


Figura 6. 1 = avvertenza relativa alle posizioni del rotore inutilizzate.

18. Viene visualizzata una finestra "Save As" (Salva con nome). Scegliere un nome file adeguato e salvare la seduta PCR con l'estensione *.rex nel percorso selezionato. Fare clic su "Save" (Salva) (Figura 7).

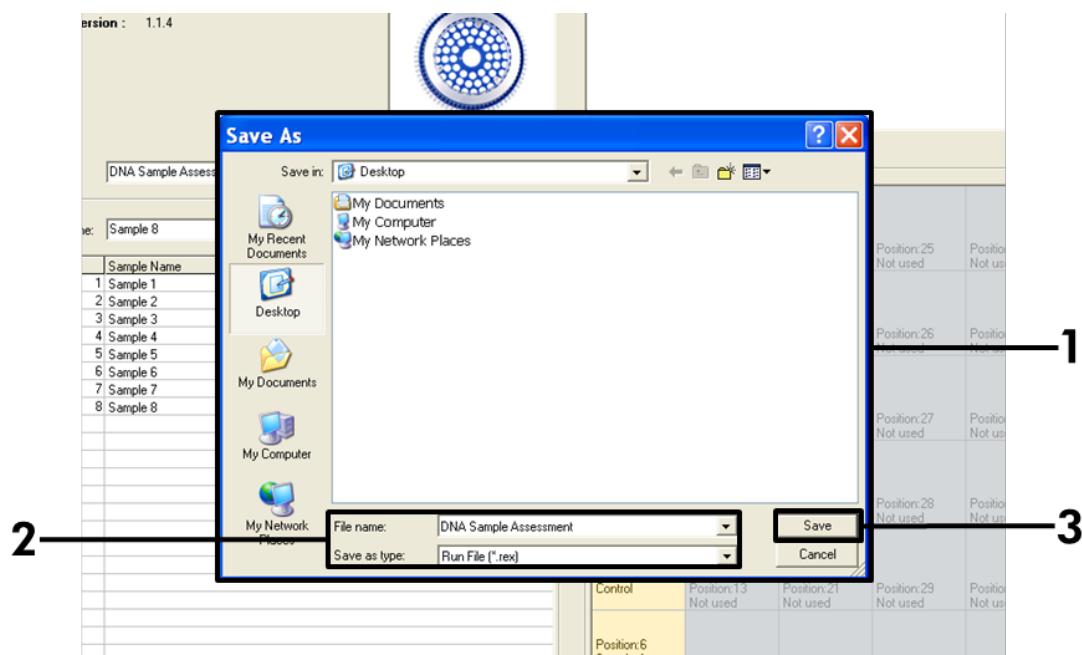


Figura 7. Salvataggio del file della seduta. 1 = finestra "Save As" (Salva con nome); 2 = nome file e tipo file *.rex; 3 = pulsante "Save" (Salva).

19. La seduta PCR viene avviata.

Nota: quando la seduta ha inizio, si apre automaticamente la scheda "Run Progress" (Avanzamento seduta) per mostrare il tracciato della temperatura e il tempo rimanente per la seduta (Figura 8).

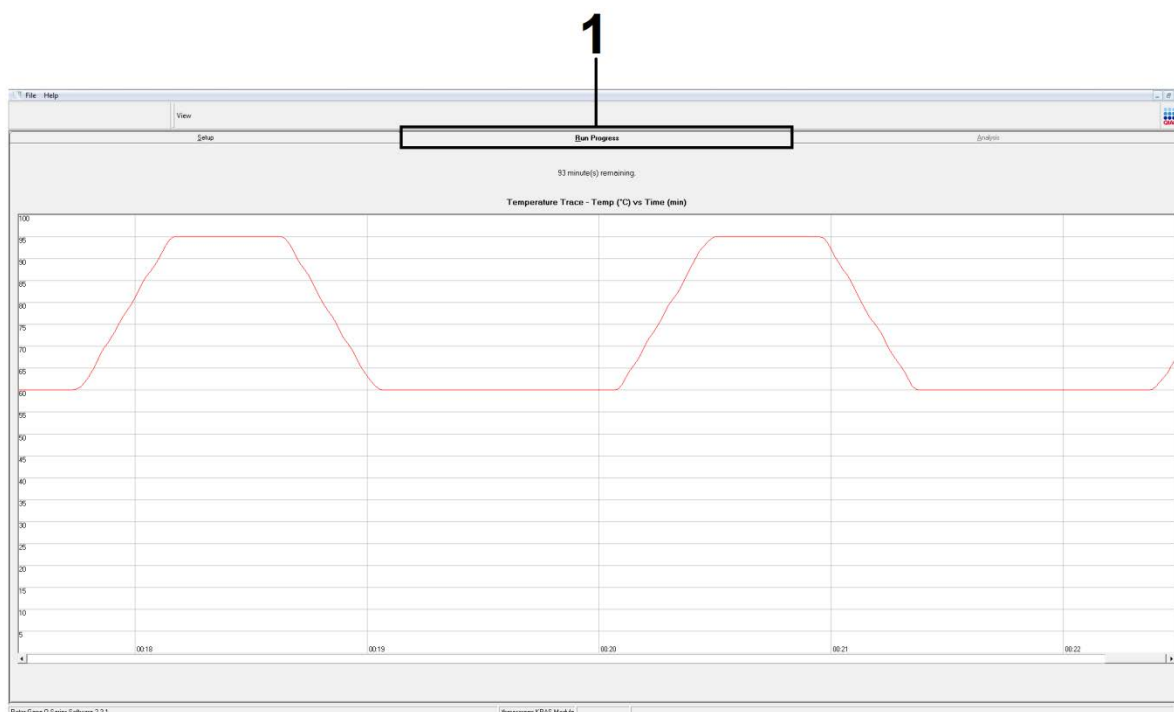


Figura 8. Scheda "Run Progress" (Avanzamento seduta).

20. Quando la seduta si conclude, si apre automaticamente la scheda "Analysis" (Analisi).

Nota: se ciò non avviene automaticamente, fare clic sulla scheda "Analysis" (Analisi) (Figura 9).

Nota: per una spiegazione del metodo di calcolo, fare riferimento al paragrafo "Interpretazione dei risultati", a pagina 39.

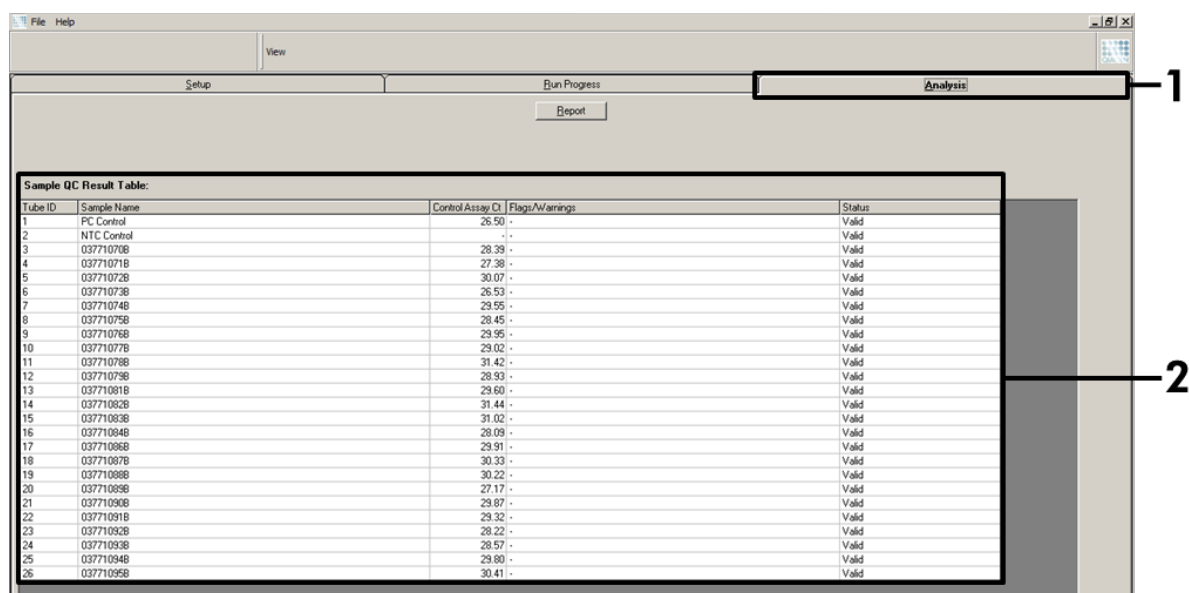


Figura 9. La scheda dell'analisi e i risultati riportati. 1 = scheda "Analysis" (Analisi), 2 = "Sample QC Result Table" (Tabella risultati QC campioni).

21. I risultati dei controlli verranno riportati nel modo seguente nella tabella denominata "Sample QC Result Table" (Tabella risultati QC campioni) (2 nella Figura 9).

- **Controlli della seduta** (PC e NTC, rispettivamente posizioni 1 e 2 delle provette): se i risultati rientrano nei limiti di accettabilità, ciascuno avrà la dicitura "Valid" (Valido). In caso contrario il risultato sarà "Invalid" (Non valido).
- **Reazione di controllo del campione $C_T > 32,00$:** il risultato sarà "Invalid" (Non valido). La quantità di DNA è insufficiente per l'analisi mutazionale. Ripetere il test sul campione. Se la quantità di DNA è ancora insufficiente, estrarre altro tessuto tumorale, se disponibile (vedere la "Guida alla risoluzione dei problemi" a pagina 40).
- **Reazione di controllo del campione $C_T < 21,92$:** il risultato sarà "Invalid" (Non valido). La concentrazione del DNA è troppo alta per l'analisi mutazionale. Diluire con acqua priva di nucleasi per diluizione (Dil.) e ripetere il test. Diluire fino a un valore C_T di 21,92-32,00. Una diluizione 1:1 aumenta il valore C_T di circa 1,0.
- **Valore C_T della reazione di controllo del campione tra 21,92 e 32,00** ($21,92 \leq C_T \text{ di controllo} \leq 32,00$): il risultato è "Valid" (Valido), la concentrazione del DNA è idonea all'analisi mutazionale.

Nota: se è necessario ripetere l'estrazione o diluire il campione, ripetere la reazione di controllo per confermare che la concentrazione del DNA è idonea all'uso.

22. È possibile generare i file report facendo clic su "Report". Viene visualizzata la finestra "Report Browser" (Browser dei report). Selezionare "KRAS Analysis Report" (Report analisi KRAS) sotto a "Templates" (Modelli), quindi fare clic su "Show" (Mostra) (Figura 10).

Nota: è possibile salvare i report in un percorso alternativo, nel formato webarchive, facendo clic sul pulsante "Save As" (Salva con nome) nell'angolo in alto a sinistra di ogni report.

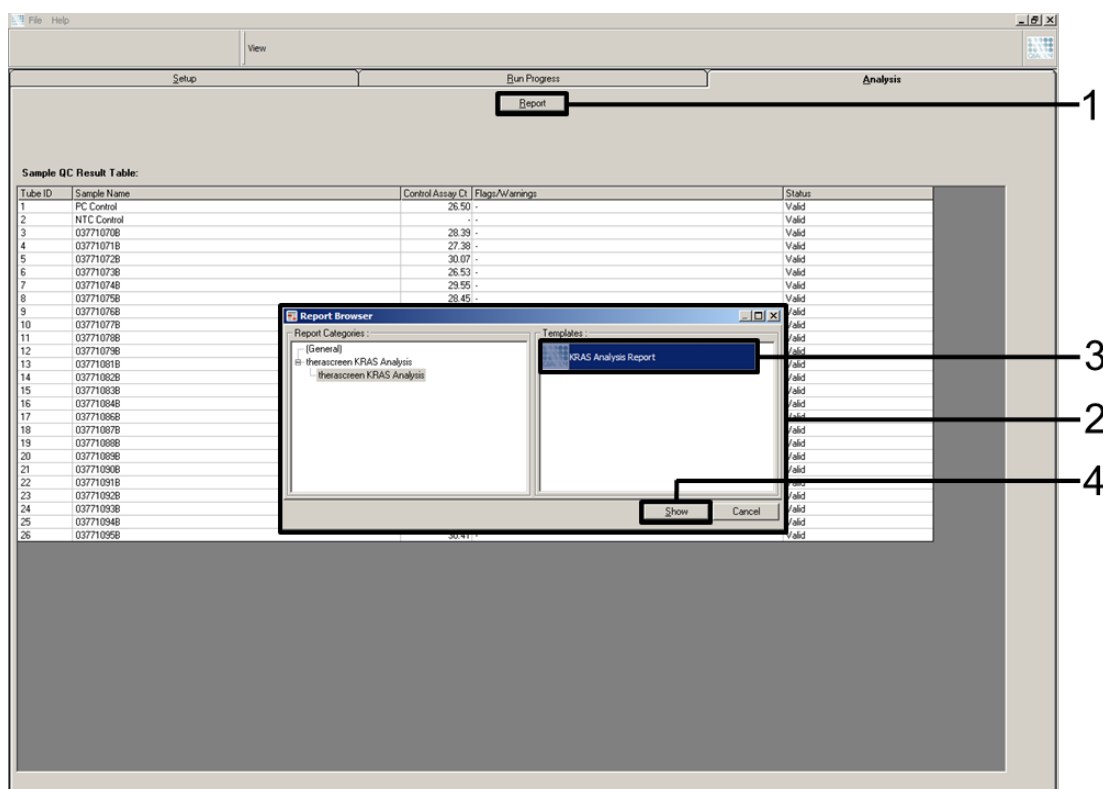


Figura 10. Selezione del report dell'analisi KRAS. 1 = "Report"; 2 = finestra "Report Browser" (Browser dei report); 3 = "KRAS Analysis Report" (Report di analisi KRAS); 4 = "Show" (Mostra).

Protocollo: rilevazione delle mutazioni KRAS

Questo protocollo consente di rilevare le mutazioni KRAS.

Punti importanti prima di iniziare

- Un campione può essere analizzato utilizzando i saggi per le mutazioni KRAS solo dopo che ha superato la fase di valutazione.
- Per un uso efficiente del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR, è necessario raggruppare i campioni in batch di 7 (per riempire il rotore a 72 pozzetti). Utilizzando batch più piccoli si potranno analizzare meno campioni con il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR.
- Assicurarsi che sia installato il software *therascreen* KRAS Assay Package corretto, corrispondente alla versione del software Rotor-Gene Q, prima di utilizzare per la prima volta lo strumento Rotor-Gene Q MDx (vedere "Appendice 2: installazione del software *therascreen* KRAS Assay Package", pagina 99).

Procedura

1. **Miscelare i reagenti scongelati capovolgendo le provette 10 volte ciascuna, in modo da prevenire la concentrazione localizzata di sali. Centrifugare brevemente affinché il contenuto si depositi sul fondo della provetta.**
2. **Impostare una pipetta su un volume inferiore rispetto al volume totale delle miscele di reazione, quindi miscelare con cura le soluzioni Master Mix aspirando completamente in su e in giù per 10 volte.**
3. **Aggiungere immediatamente 20 µl di Master Mix in ogni provetta della striscia per PCR.**

Nota: per conoscere la disposizione delle provette durante la preparazione delle miscele delle reazioni, fare riferimento alla Tabella 5. Ai fini della rilevazione delle mutazioni KRAS, è necessario aggiungere le soluzioni Master Mix in 8 provette PC, 8 provette NTC e 8 provette per ogni campione di DNA.

Tabella 5. Disposizione delle provette sul blocco di caricamento per la seduta di rilevazione delle mutazioni KRAS

Saggio	Controlli		N° campione						
	PC	NTC	1	2	3	4	5	6	7
CTRL	1 *	9	17	25	33	41	49	57	65
12ALA	2	10	18	26	34	42	50	58	66
12ASP	3	11	19	27	35	43	51	59	67
12ARG	4	12	20	28	36	44	52	60	68
12CYS	5	13	21	29	37	45	53	61	69
12SER	6	14	22	30	38	46	54	62	70
12VAL	7	15	23	31	39	47	55	63	71
13ASP	8	16	24	32	40	48	56	64	72

* I numeri identificano le posizioni nel blocco di caricamento e indicano la posizione finale sul rotore.

4. Aggiungere immediatamente 5 µl di acqua priva di nucleasi per controllo senza templat (NTC) nelle provette NTC (posizioni provette 9-16) e chiudere con i tappi.
5. Aggiungere 5 µl di ogni campione di DNA nelle provette dei campioni (posizioni provette 17-72) e chiudere con i tappi.
6. Aggiungere 5 µl di controllo positivo (PC) KRAS nelle provette PC (posizioni provette 1-8) e chiudere con i tappi.
7. Con un pennarello indelebile contrassegnare i coperchi delle prime provette nella posizione numerica più bassa di ogni striscia di 4 provette per PCR (cioè le posizioni 1, 5, 9 ecc.) per mostrare l'orientamento con cui devono essere caricate le provette sul rotore a 72 pozzetti dello strumento Rotor-Gene Q MDx.
8. Capovolgere 4 volte le provette tappate per miscelare bene il campione e la miscela della reazione.
9. Inserire tutte le strisce di 4 provette per PCR nelle posizioni corrette del rotore a 72 pozzetti, rispettando la disposizione della seduta (Tabella 5) e seguendo i segni di orientamento.

Nota: è possibile includere al massimo 7 campioni in ogni seduta PCR. Se il rotore non è completamente pieno, è necessario occupare tutte le posizioni libere del rotore con una provetta vuota tappata. In questo modo viene assicurata l'efficienza termica dello strumento Rotor-Gene Q MDx.

10. Caricare il rotore a 72 pozzetti sullo strumento Rotor-Gene Q MDx.
Assicurarsi che l'anello bloccante (accessorio dello strumento Rotor-Gene Q MDx) sia posizionato sopra al rotore, in modo da tenere ferme le provette durante la seduta.
11. Avviare il software Rotor-Gene Q e contemporaneamente aprire il modello facendo doppio clic sull'icona "therascreen KRAS Locked Template" (Modello bloccato therascreen KRAS) sul desktop del portatile che è collegato allo strumento Rotor-Gene Q MDx (Figura 11).

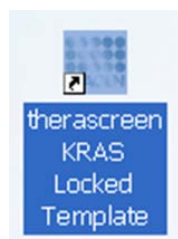


Figura 11. L'icona "therascreen KRAS Locked Template".

12. La scheda "Setup" (Impostazione) viene visualizzata per impostazione predefinita (Figura 12). Verificare che l'anello bloccante sia posizionato correttamente e selezionare la casella "Locking Ring Attached" (Anello bloccante collegato). Chiudere il coperchio dello strumento Rotor-Gene Q MDx.

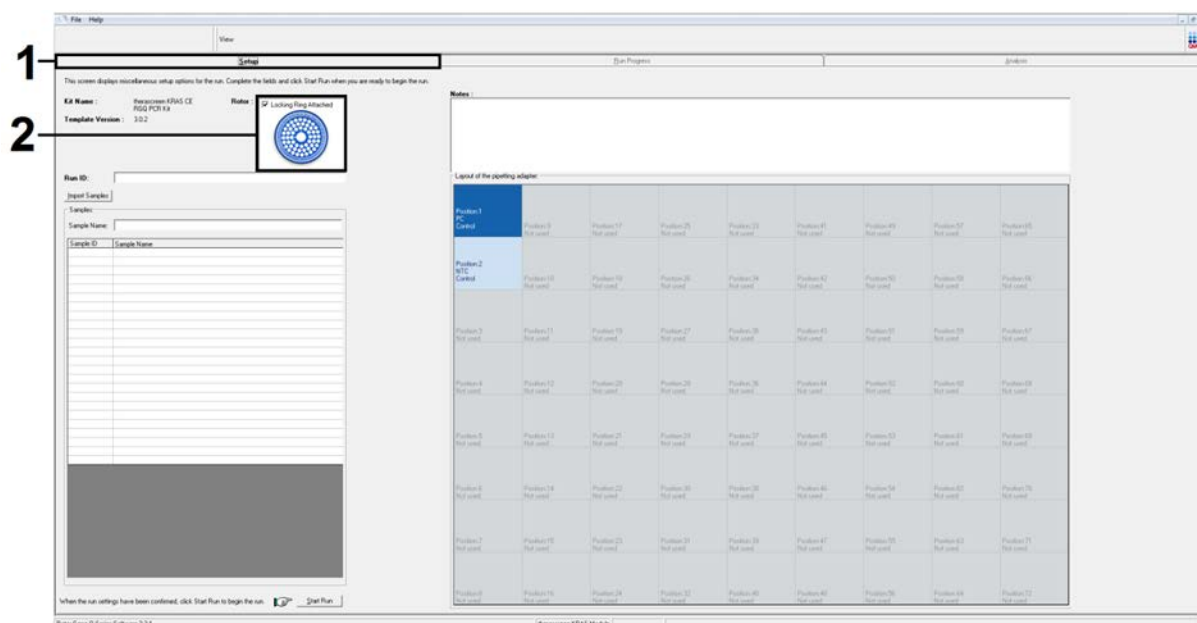


Figura 12. 1 = scheda "Setup" (Impostazione); 2 = casella "Locking Ring Attached" (Anello bloccante collegato).

13. Immettere l'ID della seduta nel campo "Run ID" (ID seduta) in base alle convenzioni di denominazione locali.

14. Immettere il nome del campione nel campo "Sample Name" (Nome campione) in base alle convenzioni di denominazione locali, quindi premere il tasto Invio.

Il nome del campione verrà aggiunto all'elenco dei campioni in basso e al campione verrà assegnato un "Sample ID" (ID campione) del tipo 1, 2, 3 e così via. Inoltre il riquadro "Layout of the pipetting adapter" (Configurazione dell'adattatore di pipettamento) sul lato destro verrà aggiornato e includerà il nome del campione (Figura 13).

Nota: nel riquadro “Layout of the pipetting adapter” verificare che il nome del campione appena aggiunto sia evidenziato da un cambio di colore e che i nomi di tutti gli 8 saggi nella colonna sotto al cerchio del campione siano evidenziati (Figura 13).

Nota: è possibile aggiungere 7 campioni al massimo. Gli ID dei campioni (nei cerchi) verranno assegnati automaticamente dall'1 al 7.

Nota: i campioni i cui nomi sono composti da più di 8 caratteri potrebbero non essere visualizzati per intero nel riquadro “Layout of the pipetting adapter” (Configurazione dell’adattatore di pipettamento).

in alternativa, è possibile importare i campioni salvati in formato *.smp (file campione Rotor-Gene Q) o *.csv (valori separati da virgola) utilizzando il pulsante "Import Samples" (Importa campioni). Questo metodo consente di popolare automaticamente i nomi dei campioni.

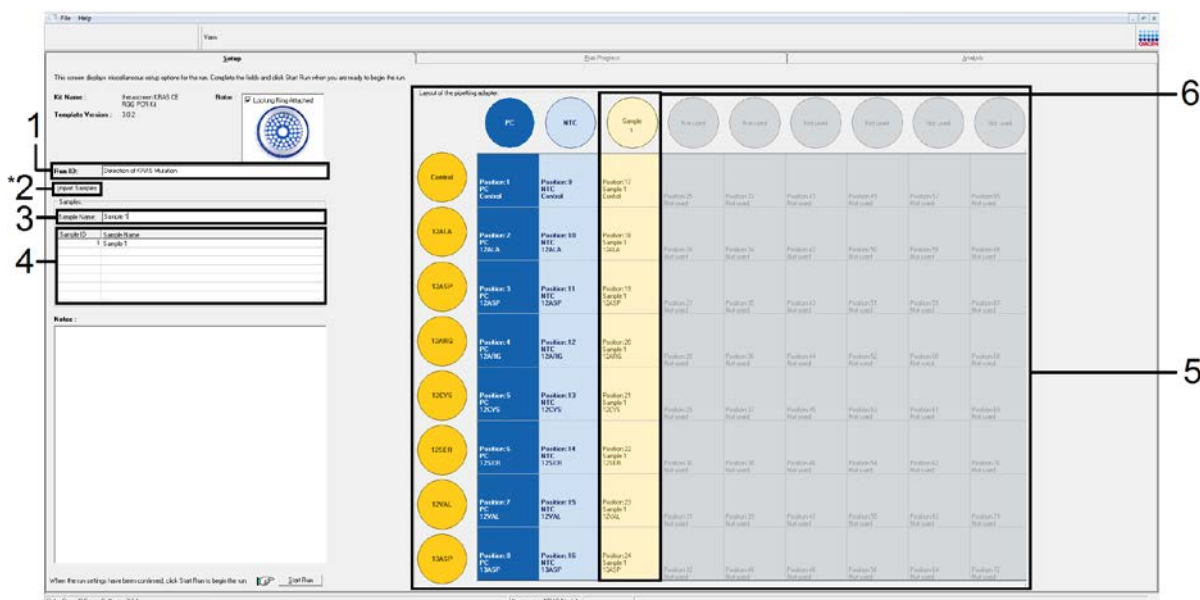


Figura 13. Immissione di ID della seduta e nome del campione nei campi appropriati.

1 = campo "Run ID" (ID seduta); 2 = pulsante "Import Samples" (Importa campioni), non disponibile nella versione del software 2.1; 3 = campo "Sample Name" (Nome campione); 4 = elenco campioni; 5 = riquadro "Layout of the pipetting adapter" (Configurazione dell'adattatore di pipettamento); 6 = cerchio del campione evidenziato e colonna con 8 saggi nel riquadro sottostante.

15. Ripetere il passaggio 14 per immettere i nomi di tutti gli altri campioni (Figura 14).

Nota: per modificare il nome di un campione, fare clic su di esso nell'elenco dei campioni; il nome del campione selezionato verrà visualizzato nel campo "Sample Name" (Nome campione), appena sopra l'elenco. Modificare il nome del campione rispettando le convenzioni di denominazione locali, quindi premere il tasto Invio per rendere effettiva la modifica.

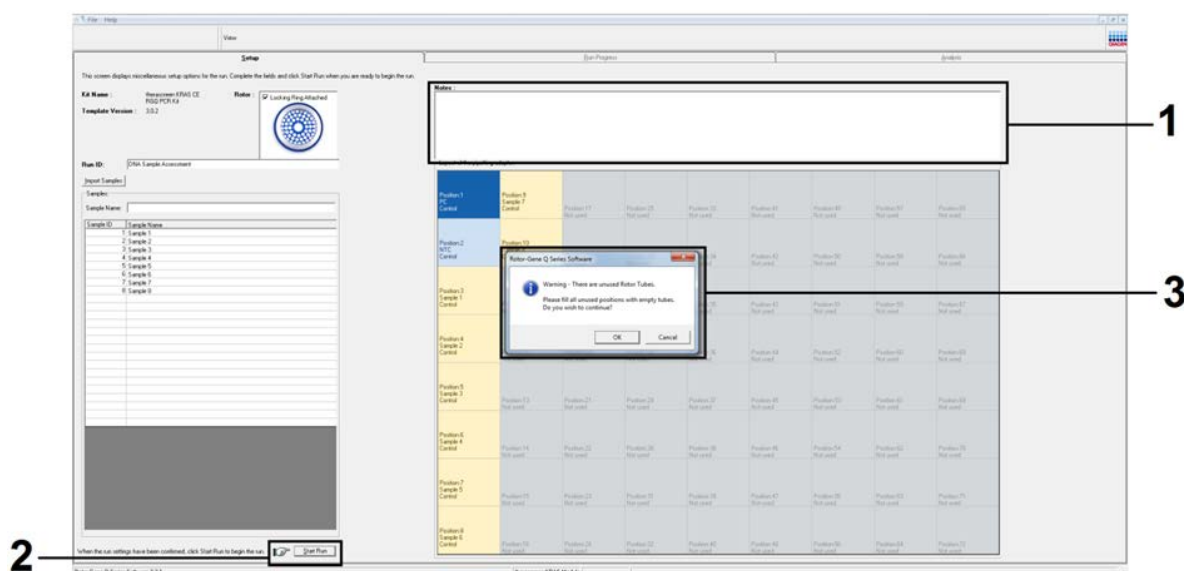


Figura 14. Immissione di altri nomi di campioni nel campo appropriato. 1 = campo "Sample Name" (Nome campione); 2 = elenco campioni; 3 = riquadro "Layout of the pipetting adapter" (Configurazione dell'adattatore di pipettamento) con ulteriori nomi di campioni.

16. Dopo aver immesso i nomi di tutti i campioni, verificare che siano corretti. Se necessario, aggiungere ulteriori informazioni nel campo "Notes" (Annotazioni) e fare clic sul pulsante "Start Run" (Avvia seduta) (Figura 15).

Nota: se qualche posizione del rotore è inutilizzata, viene visualizzato un "Warning" (Avvertenza) (Figura 15 e Figura 16) per ricordare all'utente che è necessario occupare tutte le posizioni del rotore, eventualmente con una provetta vuota tappata. Assicurarsi che tutte le posizioni del rotore prima inutilizzate siano ora occupate con una provetta vuota tappata, quindi fare clic su "OK" per proseguire.

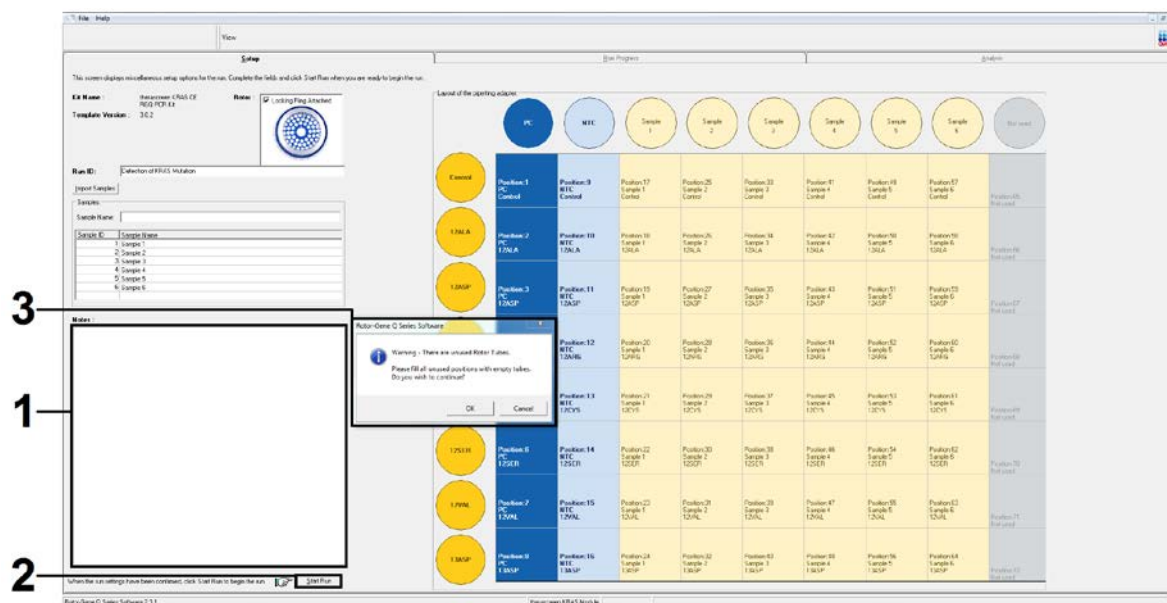


Figura 15. 1 = campo "Notes" (Annotazioni); 2 = "Start Run" (Avvia seduta); 3 = avvertenza relativa alle posizioni del rotore inutilizzate.

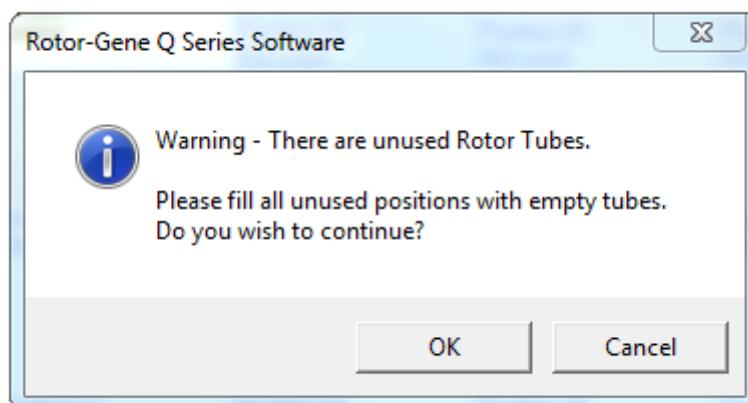


Figura 16. Avvertenza relativa alle posizioni del rotore inutilizzate.

17. Viene visualizzata una finestra "Save As" (Salva con nome). Scegliere un nome file adeguato e salvare la seduta PCR con l'estensione *.rex nel percorso selezionato (Figura 17).

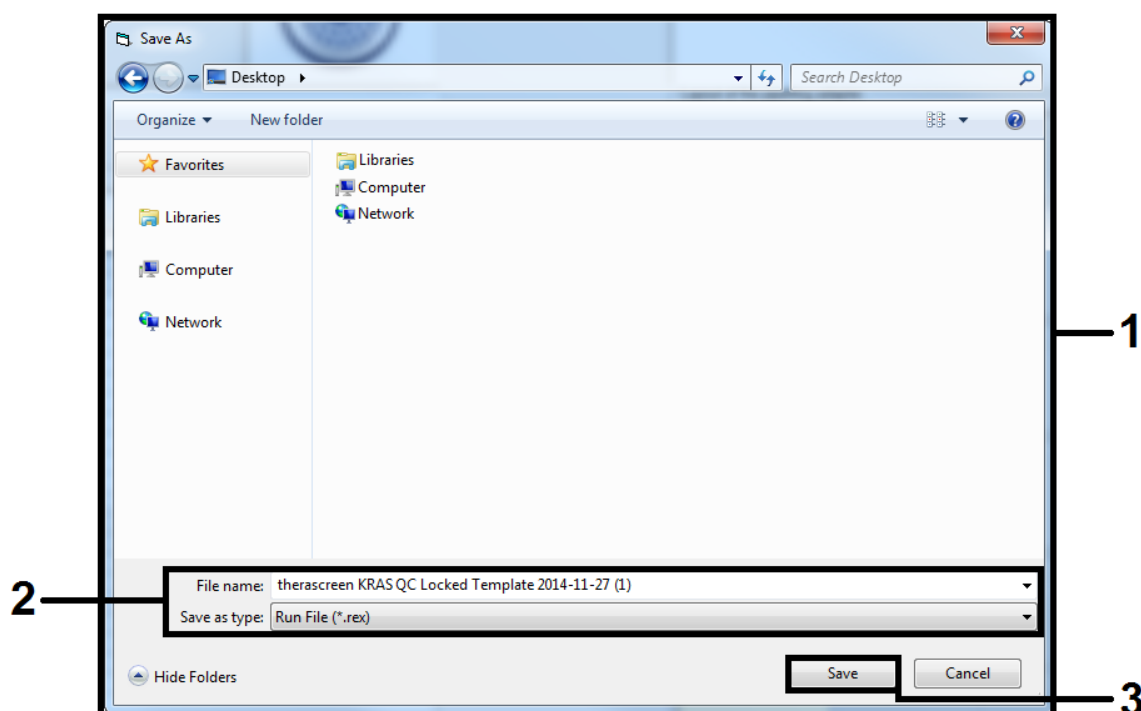


Figura 17. Salvataggio del file della seduta.

18. La seduta PCR viene avviata.

Nota: quando la seduta ha inizio, si apre automaticamente la scheda "Run Progress" (Avanzamento seduta) per mostrare il tracciato della temperatura e il tempo rimanente per la seduta (Figura 18).

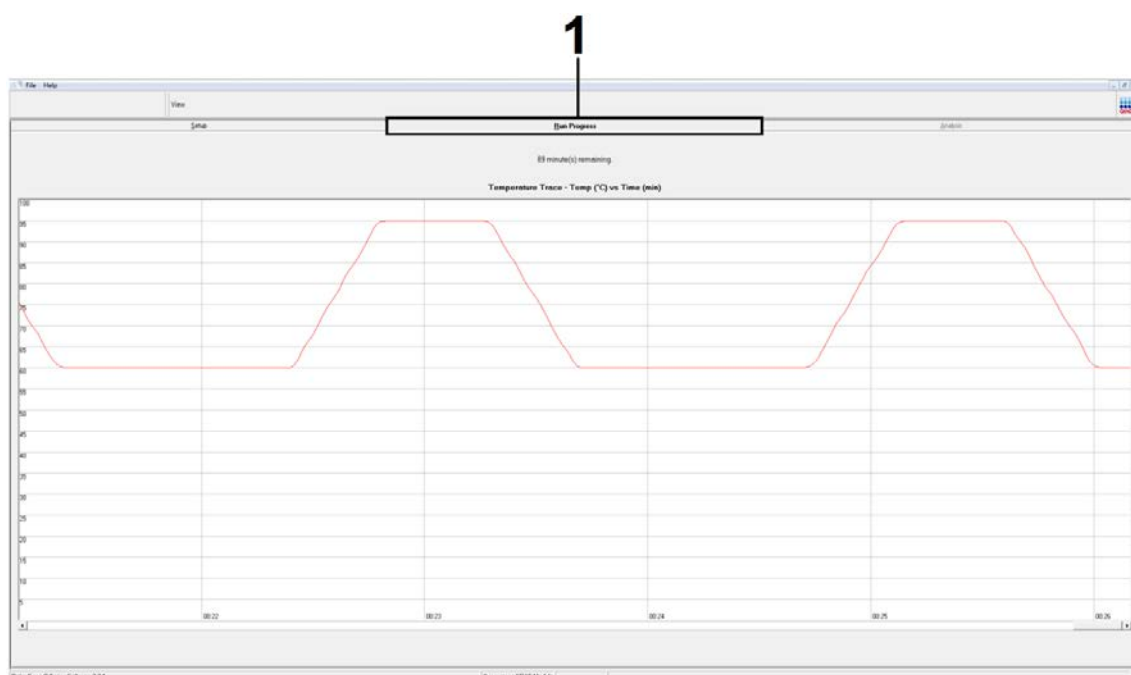


Figura 18. 1 = scheda "Run Progress" (Avanzamento seduta).

19. Quando la seduta si conclude, si apre automaticamente la scheda "Analysis" (Analisi).

Nota: se ciò non avviene automaticamente, fare clic sulla scheda "Analysis" (Analisi) (Figura 19).

Nota: per una spiegazione del metodo di calcolo, fare riferimento al paragrafo "Interpretazione dei risultati" a pagina 39.

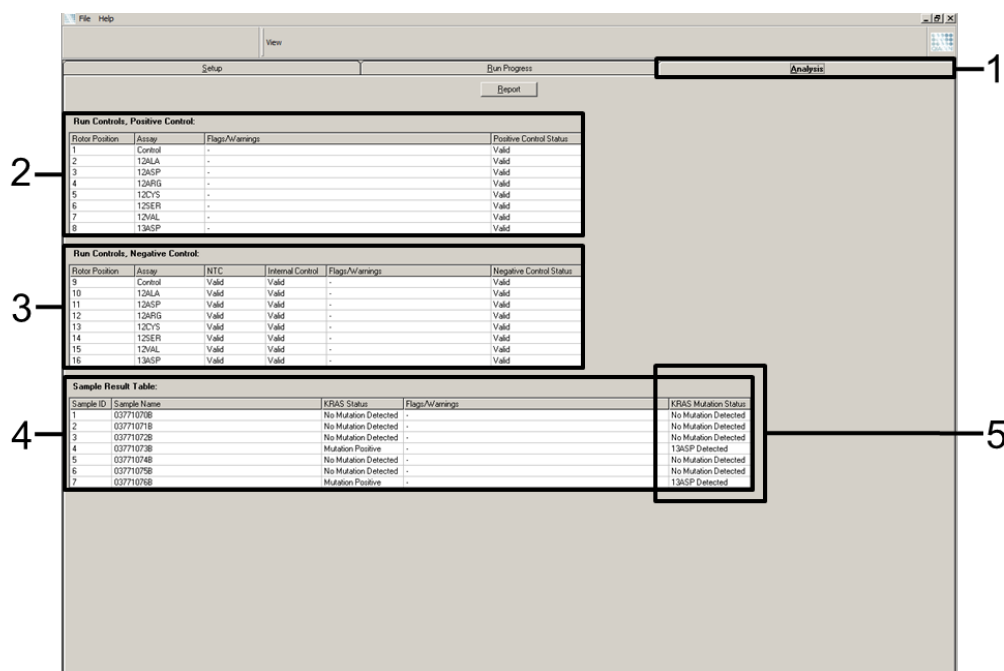


Figura 19. La scheda dell'analisi e i risultati riportati. 1 = scheda "Analysis" (Analisi); 2 = riquadro "Run Controls, Positive Control" (Controlli seduta, Controllo positivo); 3 = riquadro "Run Controls, Negative Control" (Controlli seduta, Controllo negativo); 4 = riquadro "Sample Result Table" (Tabella risultati campioni); 5 = colonna "KRAS Mutation Status" (Stato mutazione KRAS).

20. I risultati dei saggi verranno comunicati nel modo seguente (Figura 19):

- **Riquadro "Run Controls, Positive Control" (Controlli seduta, Controllo positivo):** se i risultati rientrano nei limiti di accettabilità, nel campo "Positive Control Status" (Stato controllo positivo) comparirà "Valid" (Valido), in caso contrario comparirà "Invalid" (Non valido).
- **Riquadro "Run Controls, Negative Control" (Controlli seduta, Controllo negativo):** se entrambi i risultati "NTC" (Controllo senza template) e "Internal Control" (Controllo interno) rientrano nei limiti di accettabilità, nel campo "Negative Control Status" (Stato controllo negativo) comparirà "Valid" (Valido), in caso contrario comparirà "Invalid" (Non valido).
- **Riquadro "Sample Result Table" (Tabella risultati campioni):** le specifiche mutazioni rilevate nei campioni positivi verranno indicate nella colonna "KRAS Mutation Status" (Stato mutazione KRAS).

21. È possibile generare i file report facendo clic su “Report”. Viene visualizzata la finestra “Report Browser” (Browser dei report). Selezionare “KRAS Analysis Report” (Report analisi KRAS) sotto a “Templates” (Modelli), quindi fare clic su “Show” (Mostra) (Figura 20).

Nota: è possibile salvare i report in un percorso alternativo, nel formato webarchive, facendo clic su “Save As” (Salva con nome) nell’angolo in alto a sinistra di ogni report.

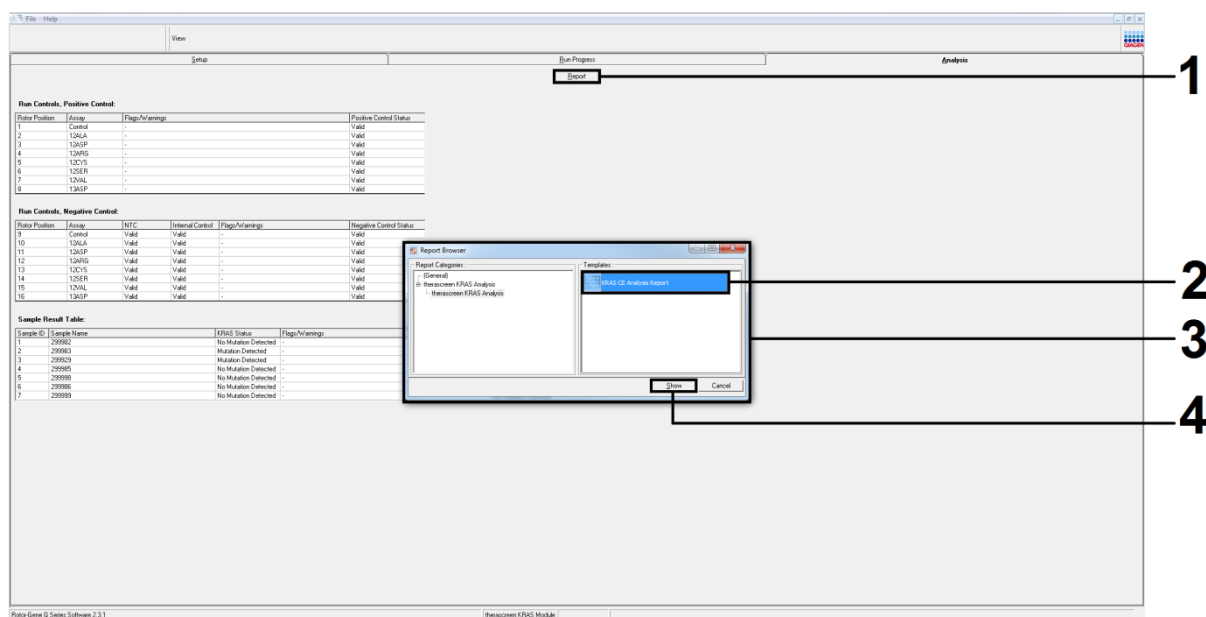


Figura 20. Selezione del report dell’analisi KRAS. 1 = “Report”; 2 = finestra “Report Browser” (Browser dei report); 3 = “KRAS Analysis Report” (Report di analisi KRAS); 4 = “Show” (Mostra).

Interpretazione dei risultati

L'analisi e l'assegnazione delle mutazioni vengono eseguite automaticamente dal software *therascreen* KRAS Assay Package al termine di una seduta. Le informazioni che seguono spiegano il modo in cui il software *therascreen* KRAS Assay Package esegue l'analisi e assegna le mutazioni.

Nota: per l'analisi manuale della mutazione, vedere "Appendice 1: protocollo del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR per la procedura manuale", pagina 75.

Il ciclo della PCR nel quale la fluorescenza proveniente da una particolare reazione supera un valore soglia viene definito come valore C_T . I valori C_T indicano la quantità di DNA iniziale specifico. Valori C_T bassi indicano livelli di DNA iniziale alti, mentre valori C_T alti indicano livelli di DNA iniziale bassi. Le reazioni che hanno un valore C_T sono classificate come amplificazioni positive.

Il software Rotor-Gene Q esegue l'interpolazione dei segnali di fluorescenza tra una coppia qualsiasi di valori registrati. Di conseguenza i valori C_T possono essere un qualsiasi numero reale (non limitato agli interi) compreso nell'intervallo tra 0 e 40.

Nel caso del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR, il valore soglia è impostato su 0,05 unità di fluorescenza relativa. Questo valore è preimpostato nel software *therascreen* KRAS Assay Package per entrambi i canali di fluorescenza verde (Green) e giallo (Yellow). Il valore soglia è stato determinato nel corso dello sviluppo del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR.

Per determinare il valore ΔC_T , viene eseguito un calcolo basato sull'equazione:

$$\Delta C_T = [\text{valore } C_T \text{ del saggio di mutazione}] - [\text{valore } C_T \text{ del saggio di controllo}]$$

I controlli della seduta (controllo positivo, NTC e controlli interni) vengono valutati per assicurare che siano rispettati i valori C_T accettabili e che le reazioni siano avvenute in modo corretto.

I valori ΔC_T dei campioni vengono calcolati come differenza tra il valore C_T del saggio di mutazione e il valore C_T del saggio di controllo ottenuti dallo stesso campione. I campioni sono classificati come positivi alla mutazione se restituiscono un valore ΔC_T minore o uguale al valore ΔC_T di cut-off per il saggio. Al di sopra di questo valore, infatti, il campione potrebbe contenere una mutazione percentualmente inferiore al limite di sensibilità del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR oppure potrebbe essere negativo alla mutazione e quindi classificato come "No Mutation Detected" (Nessuna mutazione rilevata).

In assenza di amplificazione nelle reazioni delle mutazioni, il campione verrà classificato come "No Mutation Detected" (Nessuna mutazione rilevata). I valori

ΔC_T calcolati dall'amplificazione sul fondo dovrebbero essere maggiori dei valori ΔC_T di cut-off e il campione verrà classificato come "No Mutation Detected" (Nessuna mutazione rilevata).

I risultati dei saggi possono essere "Mutation Positive" (Positivo alla mutazione), "No Mutation Detected" (Nessuna mutazione rilevata), "Invalid" o (Non valido) e, se un controllo della seduta non funziona, "Run Control Failed" (Controllo seduta fallito). Nel caso di campioni positivi alle mutazioni, verranno indicate le specifiche mutazioni.

Altri possibili risultati sono descritti nel paragrafo "Protocollo: valutazione del campione di DNA" a pagina 17" di questo manuale.

Raramente un tumore può contenere più di una mutazione. In questi casi verrà identificata la mutazione che genera il valore ΔC_T più basso.

Guida alla risoluzione dei problemi

Questa guida alla risoluzione dei problemi può essere utile per risolvere eventuali situazioni problematiche. Per maggiori informazioni, consultare anche la pagina relativa alle domande frequenti (FAQ) nel nostro servizio di assistenza tecnica: www.qiagen.com/FAQ/FAQList.aspx. Gli esperti del supporto tecnico QIAGEN sono sempre disponibili per rispondere a qualsiasi domanda riguardante le informazioni e i protocolli descritti in questo manuale o le tecnologie relative a campioni e analisi (per le informazioni sui contatti, vedere il retro di copertina o visitare il sito www.qiagen.com).

Commenti e suggerimenti

Risultati non validi

- | | |
|--|---|
| a) Le condizioni di conservazione per uno o più componenti del kit non sono conformi alle istruzioni fornite nel paragrafo "Conservazione e gestione dei reagenti" (pagina 13) | Controllare le condizioni di conservazione e la data di scadenza (vedere l'etichetta del kit) dei reagenti e, se necessario, utilizzare un nuovo kit. |
| b) Il kit <i>therascreen</i> KRAS RGQ PCR è scaduto | Controllare le condizioni di conservazione e la data di scadenza (vedere l'etichetta del kit) dei reagenti e, se necessario, utilizzare un nuovo kit. |

Commenti e suggerimenti

I campioni NTC generano risultati positivi nel canale FAM

Si è verificata una contaminazione durante la preparazione della PCR	Ripetere la PCR con nuovi reagenti in repliche. Se possibile, chiudere le provette PCR subito dopo l'aggiunta del campione da analizzare. Assicurarsi che lo spazio di lavoro e gli strumenti vengano decontaminati a intervalli regolari.
--	--

Avvisi generati dal software *therascreen* KRAS Assay Package

Nella Tabella 6 sono elencati i possibili avvisi che potrebbero essere generati dal software *therascreen* KRAS Assay Package, il loro significato e le azioni da intraprendere.

Tabella 6. Avvisi di *therascreen* KRAS Assay Package

Avviso	Significato	Azione consigliata
PC_CTRL _ASSAY_FAIL	Seduta PCR non valida: valore C_T FAM fuori intervallo per il controllo positivo nella reazione di controllo.	Ripetere l'intera seduta PCR.
PC_MUTATION _ASSAY_FAIL	Seduta PCR non valida: valore C_T FAM fuori intervallo per una o più reazioni di controllo delle mutazioni.	Ripetere l'intera seduta PCR.
PC_CTRL _INVALID _DATA	Seduta PCR non valida: impossibile interpretare i dati di fluorescenza nel controllo positivo (miscela reazione di controllo).	Ripetere l'intera seduta PCR.

Avviso	Significato	Azione consigliata
PC_MUTATION_INVALID_DATA	Seduta PCR non valida: impossibile interpretare i dati di fluorescenza nel controllo positivo (miscela reazione di mutazione).	Ripetere l'intera seduta PCR.
NTC_INT_CTRL_FAIL	Seduta PCR non valida: controllo interno al di sopra dell'intervallo per il controllo negativo.	Ripetere l'intera seduta PCR.
NTC_INT_CTRL_EARLY_CT	Seduta PCR non valida: controllo interno al di sotto dell'intervallo per il controllo negativo.	Ripetere l'intera seduta PCR.
NTC_INVALID_CT	Seduta PCR non valida: valore FAM non valido (inferiore al limite) per il controllo negativo.	Ripetere l'intera seduta PCR.
NTC_INVALID_DATA	Seduta PCR non valida: impossibile interpretare i dati di fluorescenza nel controllo negativo.	Ripetere l'intera seduta PCR.
SAMPLE_CTRL_INVALID_DATA	Campione non valido: impossibile interpretare i dati di fluorescenza nel controllo del campione.	Allestire una nuova seduta PCR per ripetere il test sul campione o sui campioni interessati.

Avviso	Significato	Azione consigliata
SAMPLE_CTRL _HIGH_CONC	Campione non valido: valore C_T FAM troppo basso nel controllo del campione.	Diluire il campione per aumentare il valore C_T del controllo. La diluizione dovrebbe essere calcolata sulla base del dato che, diluendo con rapporto 1:1 con l'acqua contenuta nel kit, il valore C_T aumenterà di 1,0. Dopo aver diluito il campione, impostare una nuova seduta PCR per ripetere l'analisi.
SAMPLE_CTRL _FAIL	Campione non valido: valore C_T FAM troppo alto nella reazione di controllo del campione.	Allestire una nuova seduta PCR per ripetere l'analisi. Se anche la seduta PCR ripetuta genera un risultato non valido, estrarre il campione da una sezione FFPE fresca. Allestire una nuova seduta PCR per eseguire i test sulla nuova estrazione. Se il risultato non è valido, ripetere il test anche per la seconda estrazione. Se il campione non genera un risultato valido neppure con questa seduta, viene assegnato uno stato mutazionale indeterminato e vengono sconsigliati ulteriori test.

Avviso	Significato	Azione consigliata
SAMPLE_INT_CTRL_FAIL	Valore C _T troppo alto (o C _T non disponibile) per il controllo interno (HEX), negativo alla mutazione nel canale FAM.	<p>Se lo stato del campione è valido: nessuna azione.</p> <p>Campioni CRC: se lo stato del campione è "invalid" (non valido): allestire una nuova seduta PCR per ripetere il test sul campione. Se anche la seduta PCR ripetuta genera un risultato non valido, estrarre il campione da una sezione FFPE fresca. Allestire una nuova seduta PCR per eseguire i test sulla nuova estrazione. Se il risultato non è valido, ripetere il test anche per la seconda estrazione. Se il campione non genera un risultato valido neppure con questa seduta, viene assegnato uno stato mutazionale indeterminato e vengono sconsigliati ulteriori test.</p>

Avviso	Significato	Azione consigliata
SAMPLE_INT _CTRL_FAIL (continua)		<p>Campioni NSCLC: se lo stato del campione non è valido, diluire il restante campione 1:8 con l'acqua della provetta contrassegnata come DIL, assicurandosi che il volume finale sia maggiore di 40 µl (ad esempio, 10 µl di DNA e 70 µl di acqua dalla provetta DIL), quindi allestire una nuova seduta PCR per eseguire nuovamente il test sul campione. Se anche la seduta PCR ripetuta genera un risultato non valido, estrarre il campione da una sezione FFPE fresca. Allestire una nuova seduta PCR per eseguire i test sulla nuova estrazione. Se lo stato del campione non è valido, diluire il restante campione 1:8 con l'acqua della provetta contrassegnata come DIL, assicurandosi che il volume finale sia maggiore di 40 µl, quindi eseguire il test su questa diluizione. Se il campione non genera un risultato valido neppure con questa seduta, viene assegnato uno stato mutazionale indeterminato e vengono sconsigliati ulteriori test.</p>

Avviso	Significato	Azione consigliata
SAMPLE_INT _CTRL_EARLY _CT	Provetta mutazione non valida: valore C _T HEX troppo basso per il campione (controllo interno).	<p>Se lo stato del campione è valido: nessuna azione.</p> <p>Se lo stato del campione è "invalid" (non valido): allestire una nuova seduta PCR per ripetere il test sul campione.</p> <p>Se anche la seduta PCR ripetuta genera un risultato non valido, estrarre il campione da una sezione FFPE fresca. Allestire una nuova seduta PCR per eseguire i test sulla nuova estrazione. Se il risultato non è valido, ripetere il test anche per la seconda estrazione.</p> <p>Se il campione non genera un risultato valido neppure con questa seduta, viene assegnato uno stato mutazionale indeterminato e vengono sconsigliati ulteriori test.</p>

Avviso	Significato	Azione consigliata
SAMPLE _INVALID _DATA	Provetta mutazione non valida: impossibile interpretare i dati di fluorescenza nel controllo interno.	<p>Se lo stato del campione è valido: nessuna azione.</p> <p>Se lo stato del campione è "invalid" (non valido): allestire una nuova seduta PCR per ripetere il test sul campione. Se anche la seduta PCR ripetuta genera un risultato non valido, estrarre il campione da una sezione FFPE fresca. Allestire una nuova seduta PCR per eseguire i test sulla nuova estrazione. Se il risultato non è valido, ripetere il test anche per la seconda estrazione. Se il campione non genera un risultato valido neppure con questa seduta, viene assegnato uno stato mutazionale indeterminato e vengono sconsigliati ulteriori test.</p>

Avviso	Significato	Azione consigliata
MUTATION _EARLY_CT	Provetta mutazione non valida: valore C _T FAM troppo basso per il campione.	<p>Se lo stato del campione è valido: nessuna azione.</p> <p>Se lo stato del campione è "invalid" (non valido): allestire una nuova seduta PCR per ripetere il test sul campione. Se anche la seduta PCR ripetuta genera un risultato non valido, estrarre il campione da una sezione FFPE fresca. Allestire una nuova seduta PCR per eseguire i test sulla nuova estrazione. Se il risultato non è valido, ripetere il test anche per la seconda estrazione. Se il campione non genera un risultato valido neppure con questa seduta, viene assegnato uno stato mutazionale indeterminato e vengono sconsigliati ulteriori test.</p>
SAMPLE _POSITIVE _AND_INVALID	Ci sono una o più mutazioni valide e positive per un campione; allo stesso tempo ci sono una o più mutazioni non valide per lo stesso campione (avvertimento, non errore).	Nessuna.

Controllo di qualità

In conformità con il Sistema di Gestione della Qualità di QIAGEN, dotato di certificazione ISO, ogni lotto del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR è stato sottoposto a test sulla base di specifiche tecniche predefinite, in modo da garantire la costante qualità del prodotto.

Limitazioni

Il test è progettato per la rilevazione di 7 mutazioni nei codoni 12 e 13 del gene KRAS. I campioni i cui risultati sono classificati come "No Mutation Detected" (Nessuna mutazione rilevata) potrebbero celare mutazioni KRAS che non vengono rilevate dal saggio (ad esempio, 13CYS).

La rilevazione delle mutazioni dipende dall'integrità del campione e dalla quantità di DNA amplificabile presente nel campione. È opportuno ripetere la procedura qualora la valutazione iniziale del DNA nel campione indichi una quantità insufficiente o eccessiva per l'analisi mutazionale.

Il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR è utilizzato in una procedura basata sulla reazione a catena della polimerasi (Polymerase Chain Reaction, PCR). Come accade con tutte le procedure PCR, i campioni potrebbero essere contaminati da fonti esterne di DNA presenti nel laboratorio o dal DNA contenuto nel controllo positivo. Prestare attenzione per evitare la contaminazione dei campioni e dei reagenti delle miscele delle reazioni.

Il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR è destinato esclusivamente alla discriminazione tra DNA wild-type e mutante. La formulazione del test assicura che ogni reazione mutante è più sensibile alla mutazione specifica che misura. Tuttavia, nei campioni in cui viene rilevata una mutazione è possibile osservare la reattività crociata con altre reazioni di mutazione. Se il campione è positivo a più di una reazione di mutazione, il risultato da considerare è quello con il valore ΔC_T più basso.

Il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR è approvato esclusivamente per l'uso con tessuto FFPE di CRC e NSCLC.

Il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR è approvato esclusivamente per l'uso con QIAamp DNA FFPE Tissue Kit. Soltanto lo strumento Rotor-Gene Q MDx è stato approvato per l'uso con il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR.

Caratteristiche prestazionali

Prestazioni analitiche

Le caratteristiche prestazionali specifiche del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR sono state determinate attraverso studi basati sull'uso di campioni FFPE prelevati da pazienti CRC e NSCLC. I metodi di acquisizione impiegati per i campioni NSCLC includono l'agobiopsia con ago a scatto (CNB), l'agoaspirato con ago sottile (FNA) e la resezione. Per ogni tipo di campione sono state utilizzate 8 linee cellulari umane FFPE, di cui 7 con mutazioni KRAS rilevate dal saggio e una con KRAS wild-type (quindi nessuna mutazione nei codoni 12 e 13). Lo stato mutazionale dei campioni è stato confermato tramite sequenziamento bidirezionale di Sanger.

Cut-off

Per determinare i valori di cut-off del saggio sono stati analizzati 225 campioni FFPE con un metodo conforme alle linee guida CLSI EP17-A (2004) (8). L'intervallo C_T della reazione di controllo è stato fissato tra 21,92 e 32,00. Nella Tabella 7 sono elencati i valori di cut-off che si ottengono sottraendo il valore C_T della reazione di controllo dal valore C_T delle reazioni delle mutazioni (ΔC_T).

Tabella 7. Valori di cut-off definiti per ogni saggio di mutazione

	Saggio di mutazione						
	12ALA	12ASP	12ARG	12CYS	12SER	12VAL	13ASP
Cut-off ($\leq \Delta C_T$)	8,0	6,6	8,0	8,0	8,0	7,5	7,5

Limite del bianco

Per valutare le prestazioni del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR in assenza di un template positivo alla mutazione e per assicurare che un campione bianco non generi un segnale analitico che potrebbe indicare una mutazione a concentrazione bassa, sono stati valutati campioni privi di template. I risultati hanno dimostrato che non erano presenti valori C_T di controllo o di mutazione rilevabili in nessuna delle provette con le reazioni delle mutazioni o di controllo (i valori C_T del controllo interno erano tutti validi).

Confronto con il metodo di riferimento analitico: CRC

Sono stati condotti due studi per dimostrare la concordanza dello stato mutazionale dei campioni CRC analizzati con il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR rispetto al sequenziamento bidirezionale. In totale 137 di questi campioni FFPE hanno prodotto risultati validi sia con il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR, sia con il sequenziamento bidirezionale.

Nella Tabella 8 sono illustrati i risultati complessivi, esclusi i 6 campioni che hanno generato errori con il sequenziamento bidirezionale di Sanger. Nella Tabella 9 è illustrata l'analisi della concordanza tra il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR e il sequenziamento bidirezionale.

Tabella 8. Confronto tra il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR e il sequenziamento bidirezionale di Sanger

Classificazione delle mutazioni mediante sequenziamento bidirezionale										
Classificazione mediante il kit <i>therascreen</i> KRAS RGQ PCR		Neg.	12ALA	12ARG	12ASP	12CYS	12SER	12VAL	13ASP	Totale
	Negativo	80	–	–	1	–	–	–	1	82
	Positivi 12ALA	–	3	–	–	–	–	–	–	3
	Positivi 12ARG	–	–	–	1	–	–	–	–	1
	Positivi 12ASP	–	–	–	20	–	–	–	–	20
	Positivi 12CYS	–	–	–	–	3	–	–	–	3
	Positivi 12SER	–	–	–	–	–	–	–	–	0
	Positivi 12VAL	2	–	–	–	–	–	14	–	16
	Positivi 13ASP	1	–	–	–	–	–	–	11	12
	Totale	83	3	0	22	3	0	14	12	137

Tabella 9. Analisi della concordanza

Misura della concordanza	Frequenza (%)	Intervallo di confidenza (IC) al 95%
Concordanza percentuale complessiva	132/137 (96,35)	92,69-98,21
Concordanza percentuale positiva	52/54 (96,30)	89,41-98,77
Concordanza percentuale negativa	80/83 (96,39)	91,30-98,55

È stata condotta una valutazione di un secondo gruppo univoco di campioni per integrare i dati ottenuti dal primo studio. Un gruppo di 271 campioni FFPE prelevati da campioni CRC, 250 dei quali con stato mutazionale sconosciuto e 21 con stato mutazionale noto (per aumentare i dati per le mutazioni rare), sono stati messi a confronto con il sequenziamento bidirezionale di Sanger nel modo descritto nei paragrafi precedenti.

L'analisi della concordanza ha interessato 247 campioni con risultati validi sia per il sequenziamento bidirezionale sia per il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR. I campioni discordanti sono stati 9. Complessivamente, la concordanza è stata del 96,4%. I dati confermano l'accuratezza delle prestazioni del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR (Tabelle 10 e 11).

Tabella 10. Confronto tra il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR e il sequenziamento bidirezionale di Sanger (secondo studio)

Classificazione delle mutazioni mediante sequenziamento bidirezionale										
Classificazione mediante il kit <i>therascreen</i> KRAS RGQ PCR		Neg.	12ALA	12ARG	12ASP	12CYS	12SER	12VAL	13ASP	Totale
	Negativo	132	–	–	–	–	1	–	–	133
	Positivi 12ALA	–	10	–	–	–	–	–	–	10
	Positivi 12ARG	5	–	5	–	–	–	–	–	10
	Positivi 12ASP	–	–	–	31	–	–	–	–	31
	Positivi 12CYS	1	–	–	–	11	–	–	–	12
	Positivi 12SER	–	–	–	–	–	13	–	–	13
	Positivi 12VAL	2	–	–	–	–	–	25	–	27
	Positivi 13ASP	–	–	–	–	–	–	–	11	11
Totale		140	10	5	31	11	14	25	11	247

Tabella 11. Analisi della concordanza (secondo studio)

Misura della concordanza	Frequenza (%)	Intervallo di confidenza (IC) al 95%
Concordanza percentuale complessiva	238/247 (96,36)	93,73-98,09
Concordanza percentuale positiva	106/107 (99,07)	95,64-99,95
Concordanza percentuale negativa	132/140 (94,29)	89,93-97,13

Confronto con il metodo di riferimento analitico: NSCLC

Per dimostrare la concordanza dello stato mutazionale dei campioni di NSCLC analizzati con il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR rispetto al sequenziamento bidirezionale di Sanger, i campioni FFPE di NSCLC sono stati acquisiti tramite resezione chirurgica, agoaspirato con ago sottile e agobiopsia con ago a scatto. Da ogni campione è stato estratto il DNA prima di iniziare i test con il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR. I risultati di questo test sono quindi stati confrontati con quelli ottenuti tramite il sequenziamento bidirezionale di Sanger.

In totale 360 campioni hanno prodotto risultati validi sia con il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR, sia con il sequenziamento bidirezionale, e 340 campioni hanno generato risultati concordanti.

Nella Tabella 12 è illustrata la concordanza tra i risultati del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR e i risultati del sequenziamento di Sanger. In due campioni è stata rilevata una doppia mutazione con il sequenziamento bidirezionale di Sanger. Poiché una mutazione corrispondeva al risultato ottenuto con il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR, questi campioni sono stati considerati concordanti ai fini dell'analisi della concordanza complessiva, della concordanza positiva e della concordanza negativa (Tabella 13).

Tabella 12. Confronto tra il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR e il sequenziamento bidirezionale di Sanger

Classificazione delle mutazioni mediante sequenziamento bidirezionale	Classificazione mediante il kit <i>therascreen</i> KRAS RGQ PCR									
		Neg.	12ALA	12ARG	12ASP	12CYS	12SER	12VAL	13ASP	Totale
	Negativo	261	1	–	4	6	2	5	1	280
	Positivi 12ALA	–	4	–	–	–	–	–	–	4
	Positivi 12ALA_ 12CYS	–	1	–	–	–	–	–	–	1
	Positivi 12ARG	–	–	3	–	–	–	–	–	3
	Positivi 12ASP	–	–	–	14	–	–	–	–	14
	Positivi 12CYS	–	–	–	–	35	–	–	–	35
	Positivi 12SER	–	–	–	–	–	–	1	–	1
	Positivi 12VAL	2	–	–	–	–	–	17	–	17
	Positivi 13ASP	1	–	–	–	–	–	–	4	5
	Totale	262	6	3	18	41	2	23	5	360

Tabella 13. Analisi della concordanza

Misura della concordanza	Frequenza (%)	Intervallo di confidenza (IC) al 95%
Concordanza percentuale complessiva	340/360 (94,44)	92,03-96,29
Concordanza percentuale positiva	79/80 (98,75)	94,21-99,94
Concordanza percentuale negativa	261/280 (93,21)	90,20-95,51

Limite di sensibilità (LOD)

L'intervallo di lavoro per il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR è basato sulla quantità di DNA amplificabile nel campione, determinata dal valore C_T della reazione di controllo. L'intervallo iniziale dichiarato per il saggio è definito dall'intervallo preimpostato dei valori C_T di controllo, ovvero 21,92-32,00. Il limite di sensibilità è la percentuale minima di DNA mutante che può essere rilevata in un fondo di DNA wild-type quando il DNA amplificabile totale rientra nell'intervallo iniziale dichiarato ed è comunque inferiore al valore ΔC_T di cut-off soglia.

CRC

È stato svolto uno studio per determinare il limite di sensibilità (limit of detection, LOD) di ognuna delle 7 reazioni delle mutazioni specifiche incluse nel kit *therascreen* KRAS RGQ PCR. Per il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR, il limite di sensibilità del DNA mutante in un fondo di DNA wild-type è definito come il fattore di diluizione più basso al quale è stato confermato positivo il 95% delle repliche dei test per ogni campione positivo alla mutazione.

A ogni saggio sono stati applicati individualmente i modelli di regressione logistica per i set di dati con livelli di DNA iniziale bassi e alti. In questi modelli la variabile risposta era l'output binario di mutazione rilevata (rilevata = 1) e di mutazione non rilevata (rilevata = 0), la variabile esplicativa continua era \log_2 della diluizione della % di mutazione. I limiti di sensibilità sono stati calcolati come la diluizione della mutazione percentuale che ha prodotto una probabilità predetta di rilevazione pari a 0,95 (Tabella 14).

Tabella 14. Valori del limite di sensibilità per ogni saggio di mutazione utilizzando linee cellulari FFPE

Saggio	C₉₅ LOD (percentuale di DNA mutante in DNA wild-type)
12ALA	0,8
12ARG	2,6
12ASP	6,4
12CYS	1,5
12SER	5,6
12VAL	1,6
13ASP	6,4

NSCLC

Il limite di sensibilità (limit of detection, LOD) per i saggi del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR è stato determinato e verificato utilizzando tessuto di carcinoma coloretale (CRC). Questi risultati LOD sono stati verificati nuovamente per il tessuto di carcinoma polmonare non a piccole cellule (NSCLC).

Lo studio si è svolto in 2 parti. Nella prima parte, 60 repliche di 7 linee cellulari FFPE mutanti di tessuto NSCLC che rappresentavano le singole mutazioni sono state diluite fino al limite di sensibilità del rispettivo saggio e sottoposte al test. In tutte le 60 repliche delle linee cellulari FFPE per ogni campione valutato è stata rilevata una sensibilità del 100% per la rispettiva reazione di mutazione, al valore LOD valutato.

Nella seconda parte, 96 repliche di campioni clinici FFPE di tessuto NSCLC, che rappresentavano le singole mutazioni con 3 diversi metodi di acquisizione (resezione, agobiopsia e agoaspirato), sono state sottoposte al test dopo la diluizione fino al limite di sensibilità del rispettivo saggio.

Le 96 repliche valide per le mutazioni 12ALA, 12ASP, 12ARG, 12VAL e 13ASP sono state classificate correttamente al 100%. I saggi per 12CYS e 12SER hanno rilevato le mutazioni al 95,8%, al valore LOD.

Questo dimostra che il valore LOD definito in precedenza viene verificato per tutti i saggi di mutazione durante la valutazione dei campioni clinici FFPE di NSCLC/linee cellulari FFPE/campioni dello stesso paziente.

DNA iniziale e linearità

Impatto del livello di DNA iniziale sui valori ΔC_T

Quando campioni con livelli di DNA totale diversi contengono la stessa proporzione di DNA mutante, si presume che i valori ΔC_T misurati restino coerenti. Per preparare pool di DNA con il valore C_T della reazione di controllo più basso che sia possibile ottenere, è stato utilizzato il DNA estratto da 8 linee cellulari FFPE.

Nelle Tabelle 15 e 16 sono riportati l'intervallo di diluizione per ogni reazione di mutazione e il valore ΔC_T medio ottenuto dai risultati. I valori ΔC_T complessivi sono coerenti per l'intero intervallo di valori validi del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR per tutti i saggi. Questo dimostra che il livello di DNA iniziale non influenza l'accuratezza della classificazione della mutazione nel campione.

Tabella 15. Impatto del DNA iniziale sui valori ΔC_T per tutto l'intervallo di valori C_T iniziali della reazione di controllo (DNA da linee cellulari CRC FFPE)

Saggio	ΔC_T				
	Diluizione 1 ~20-21 C_T	Diluizione 2 ~23-24 C_T	Diluizione 3 ~26-27 C_T	Diluizione 4 ~29-30 C_T	Diluizione 5 ~32-33 C_T
12ALA	1,56	1,25	1,16	1,14	1,27
12ASP*	2,46	2,18	2,11	2,11	1,75
12ARG	1,18	0,63	1,08	0,94	1,06
12VAL	0,29	0,25	0,15	0,26	-0,1
12SER	2,91	2,21	2,15	2,15	2,08
12CYS	0,98	0,71	0,58	0,81	0,67
13ASP	3,57	2,84	2,54	2,46	2,62

* Per la mutazione 12ASP il numero totale di repliche è stato 27.

Tabella 16. Impatto del DNA iniziale sui valori ΔC_T per tutto l'intervallo di valori C_T (campioni FFPE di NSCLC)

Saggio	ΔC_T				
	Diluizione 1 ~20-21 C_T	Diluizione 2 ~23-24 C_T	Diluizione 3 ~26-27 C_T	Diluizione 4 ~29-30 C_T	Diluizione 5 ~32-33 C_T
12ALA	3,40	3,25	3,11	2,90	3,31
12ASP	3,63	2,92	2,55	2,46	—*
12ARG	2,49	2,22	2,25	2,23	1,40
12VAL	1,34	1,23	1,18	1,13	0,97
12SER	5,34	4,50	4,30	3,92	—*
12CYS	1,70	1,71	1,70	1,77	1,01
13ASP	6,24	5,36	5,14	4,87	—*

* A causa della bassa concentrazione di DNA, non è stato generato alcun valore C_T della reazione di mutazione e non è quindi stato calcolato nessun valore ΔC_T .

Efficienza della linearità/amplificazione in funzione del DNA iniziale

È stata dimostrata l'efficienza della linearità e dell'amplificazione della PCR per ogni reazione di mutazione, relativamente alla reazione di controllo, sull'intero intervallo di lavoro del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR. L'efficienza dell'amplificazione è stata calcolata per ognuna delle reazioni di mutazione e per la reazione di controllo come $[2(-1/\text{slope})] - 1$.

L'efficienza dell'amplificazione del controllo rispetto alla reazione della mutazione indica che i valori ΔC_T , e quindi la classificazione della mutazione, sono coerenti su tutto l'intervallo di lavoro del saggio. Nelle Tabelle 17 e 18 sono riassunti i dati.

Efficienza della linearità/amplificazione in funzione della mutazione percentuale

L'obiettivo di questo studio era valutare l'effetto che un campione positivo a una mutazione, diluito in serie, poteva avere sull'efficienza dell'amplificazione, per l'intero intervallo di lavoro del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR, a partire da livelli iniziali di C_T di circa 22-23 C_T .

I DNA estratti dai campioni delle linee cellulari FFPE di CRC e di NSCLC sono stati sottoposti inizialmente alla lettura della densità ottica (OD), prima della PCR con il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR. Gli stock di DNA sono stati quindi

preparati fino a raggiungere un valore C_T della reazione di controllo pari a circa 23 C_T . Gli stock sono stati sottoposti a diluizione seriale doppia, ogni volta utilizzando DNA wild-type, allo scopo di mantenere costante il DNA wild-type totale e, contemporaneamente, variare la percentuale di DNA mutante nel template.

Sono stati preparati pool di DNA sufficienti per analizzare 6 repliche per ogni mutazione. Sono stati calcolati i dati C_T e ΔC_T per ogni mutazione per ogni punto di diluizione. È stato messo a punto un modello di regressione lineare che mette a confronto il valore C_T della reazione di mutazione rispetto alla diluizione \log_2 del DNA iniziale. Lo studio ha evidenziato che, in un fondo caratterizzato da una concentrazione costante di DNA wild-type, la diluizione delle mutazioni ha prodotto efficienze di amplificazione prive di variazioni significative al di fuori dei valori determinati nello studio di linearità sopra descritto.

Tabella 17. Efficienza di amplificazione nelle reazioni di controllo e di mutazione: linee cellulari CRC

Campione		Intercetta	Errore standard intercetta	Slope calcolato	Errore standard (slope)	Limite inferiore di confidenza al 95% bilaterale (slope)	Limite superiore di confidenza al 95% bilaterale (slope)	Efficienza amplificazione	Differenza nelle efficienze di amplificazione
12ALA	C _T controllo	21,060	0,060	-1,008	0,007	-1,023	-0,993	0,989	0,03
	C _T 12ALA	22,476	0,103	-0,987	0,013	-1,013	-0,961	1,019	
12ARG	C _T controllo	20,825	0,083	-1,035	0,01	-1,056	-1,014	0,954	0,056
	C _T 12ARG	23,237	0,083	-0,993	0,011	-1,016	-0,97	1,01	
12ASP	C _T controllo	20,385	0,13	-1,013	0,16	-1,046	-0,98	0,982	-0,003
	C _T 12ASP	21,347	0,065	-1,015	0,008	-1,032	-0,999	0,979	
12CYS	C _T controllo	23,437	0,063	-0,981	0,01	-1,003	-0,96	1,026	0,032
	C _T 12CYS	24,289	0,039	-0,961	0,006	-0,974	-0,947	1,058	
12SER	C _T controllo	22,568	0,050	-1,003	0,008	-1,02	-0,986	0,996	0,105
	C _T 12SER	25,212	0,087	-0,934	0,014	-0,963	-0,904	1,101	
12VAL	C _T controllo	21,208	0,047	-0,995	0,006	-1,007	-0,983	1,007	0,033
	C _T 12VAL	21,532	0,043	-0,972	0,005	-0,983	-0,961	1,04	
13ASP	C _T controllo	23,207	0,056	-1,001	0,009	-1,02	-0,982	0,999	0,145
	13ASPC _T	26,466	0,106	-0,909	0,017	-0,945	-0,873	1,144	

Tabella 18. Efficienza di amplificazione nelle reazioni di controllo e di mutazione: campioni NSCLC

	Campioni	Intercetta	Errore standard intercetta	Slope calcolato	Errore standard (slope)	Limite inferiore di confidenza al 95% bilaterale (slope)	Limite superiore di confidenza al 95% bilaterale (slope)	Efficienza amplificazione	Differenza nelle efficienze di amplificazione
12ALA	C _T controllo	22,74	0,04	-0,15	0,02	-0,19	-0,11	0,94	0,069
	C _T 12ALA	24,11	0,16	-1,06	0,07	-1,20	-0,93	1,01	
12ARG	C _T controllo	21,92	0,03	-0,07	0,01	-0,09	-0,05	0,94	0,093
	C _T 12ARG	24,44	0,02	-0,98	0,01	-0,96	-0,96	1,04	
12ASP	C _T controllo	21,73	0,05	-0,13	-0,02	-0,17	-0,08	0,96	-0,001
	C _T 12ASP	22,69	0,03	-0,97	0,01	-1,00	-0,95	0,96	
12CYS	C _T controllo	21,73	0,04	-0,11	0,01	-0,14	-0,08	0,98	0,019
	C _T 12CYS	22,77	0,03	-1,01	0,01	-1,03	-0,99	1,00	
12SER	C _T controllo	22,03	0,05	-0,06	0,02	-0,10	-0,02	0,97	0,127
	C _T 12SER	25,34	0,03	-0,97	0,01	-0,99	0,94	1,09	
12VAL	C _T controllo	22,13	0,04	-0,03	0,02	-0,07	0,01	0,92	0,011
	C _T 12VAL	23,34	0,08	-0,95	0,03	-1,01	-0,88	0,91	
13ASP	C _T controllo	22,63	0,02	-0,02	0,01	0,001	-0,04	0,94	0,066
	13ASPC _T	25,14	0,07	-0,94	0,03	-1,00	-0,88	1,01	

Sostanze interferenti

L'obiettivo di questo studio era valutare l'impatto di potenziali sostanze interferenti sulle prestazioni del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR. È stata eseguita un'analisi dell'impatto di ogni sostanza attraverso esperimenti di spiking a varie concentrazioni, rispetto ai valori ΔC_T e allo stato mutazionale dei campioni di analisi. Sostanze potenzialmente interferenti dal processo di estrazione del DNA analizzate: tampone AL, tampone ATL, etanolo, cera di paraffina, proteinasi K, tampone di lavaggio AW1, tampone di lavaggio AW2 e xilene. Anche il tampone di eluizione finale del kit (il tampone ATE) è stato analizzato come controllo bianco.

Alle concentrazioni attese in circostanze normali, nessuna delle potenziali sostanze interferenti prese in esame ha compromesso la capacità del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR di distinguere tra campioni positivi e campioni negativi alla mutazione.

Oltre allo studio sulle sostanze interferenti, è stato valutato il potenziale effetto delle necrosi nei campioni clinici in modo da stabilire se livelli elevati di tessuto necrotico nei campioni di tumore possano compromettere la capacità di generare dati validi. Su un totale di 421 campioni valutati nell'ambito degli studi di confronto con il metodo di riferimento analitico, 29 campioni presentavano delle necrosi a un livello >50%, come stabilito dall'esame patologico. Di questi 29 campioni, 28 hanno generato risultati validi e concordanti con il sequenziamento bidirezionale di Sanger. Un solo risultato non era valido perché il DNA era insufficiente.

Contaminazione crociata

L'obiettivo di questo studio era determinare l'entità della contaminazione crociata, che potrebbe generare potenziali risultati falsi positivi, tra i campioni di DNA utilizzando il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR. Potenziali fonti di contaminazione crociata includono:

- Estrazione del campione (ad esempio, grattando i vetrini)
- Pipettamento dei campioni
- Chiusura (con i tappi) delle provette per campioni
- Contaminazione dei reagenti del kit durante l'uso
- Caricamento delle provette di analisi sullo strumento Rotor-Gene Q MDx

Per questo studio sono stati utilizzati gli standard FFPE: lo standard wild-type e lo standard 12ALA (dal momento che la reazione 12ALA è quella con il limite di sensibilità più basso del kit).

Lo studio prevedeva 10 sedute PCR per ricercare le potenziali contaminazioni sia nell'ambito di una stessa seduta che tra sedute diverse sullo strumento Rotor-Gene Q MDx. Durante le sedute analitiche sono state utilizzate provette contenenti DNA wild-type per verificare eventuali contaminazioni da DNA mutante.

I risultati dello studio hanno dimostrato l'assenza di contaminazione apprezzabile negli estratti di DNA wild-type utilizzati per rilevare la contaminazione crociata.

Esclusività/reattività crociata

Il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR è costituito da 8 distinte reazioni. Si tratta di un'unica reazione di controllo che rileva una regione non polimorfica del gene KRAS e 7 reazioni specifiche delle mutazioni. Non esiste una reazione che misura in modo specifico la sequenza KRAS wild-type nei codoni 12 e 13. Il risultato KRAS "No Mutation Detected" (Nessuna mutazione rilevata), cioè wild-type, si basa sull'assenza di tutte le 7 mutazioni che generano un risultato positivo.

Per assicurare che non verranno generati risultati falsi positivi, è pertanto necessario dimostrare la quantità di amplificazione non specifica, o di reattività crociata, che è possibile osservare in ogni reazione quando sono presenti quantità eccessive di DNA wild-type KRAS. Analogamente, viene valutata l'amplificazione non specifica per le mutazioni KRAS che non dovrebbero essere rilevate dal saggio. Questo dimostra che la quantità di reattività crociata tra le reazioni delle mutazioni non produce errori nella classificazione delle mutazioni in presenza di quantità eccessive di DNA mutante. Dal momento che il DNA iniziale per questo saggio fa riferimento all'intervallo C_T di controllo (21,92-32,00), la concentrazione più elevata di DNA iniziale si basa su un valore C_T di controllo approssimativo di 22.

Amplificazione non specifica/reattività crociata: DNA KRAS wild-type

È stata presa in considerazione la quantità di amplificazione non specifica di DNA wild-type da parte delle miscele delle reazioni che dovrebbero amplificare solo mutazioni specifiche. In totale, 60 repliche di DNA di linee cellulari FFPE wild-type e 60 campioni di NSCLC sono stati valutati alla concentrazione più alta di DNA iniziale amplificabile utilizzando il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR.

I valori C_T di controllo erano circa 22-23. I risultati dimostrano che i valori ΔC_T hanno superato i limiti di cut-off impostati e che almeno il 95% delle repliche wild-type sono state classificate correttamente.

Amplificazione non specifica/reattività crociata/esclusività: DNA KRAS positivo alla mutazione

I campioni mutanti che hanno un'alta concentrazione di DNA iniziale sono stati analizzati rispetto a tutte le miscele delle reazioni. Sono stati preparati campioni di DNA da ognuna delle linee cellulari FFPE di CRC e di NSCLC, in modo tale che il valore C_T della reazione di controllo corrispondesse a circa 23. Da queste diluizioni sono state ottenute 6 repliche da valutare per ogni campione di mutazione. La percentuale della mutazione nel campione dipendeva dalla percentuale del mutante nel DNA della linea cellulare.

Nelle Tabelle 19 e 20 sono riportati i valori ΔC_T medi e viene dimostrata la presenza di reattività crociata tra le reazioni delle mutazioni. In tutti i casi, i risultati dimostrano che è stata classificata correttamente la mutazione con la reazione di mutazione corrispondente (in altre parole, il valore ΔC_T più basso era la classificazione corretta della mutazione). Tutti gli altri casi dei test non sono stati rilevati o erano al di fuori del valore ΔC_T soglia.

Tabella 19. Reattività crociata (ΔC_T) tra le reazioni delle mutazioni utilizzando DNA da linea cellulare CRC FFPE all'intervallo iniziale alto

DNA mutante	Cut-off	ΔC_T saggio						
		12ALA	12ASP	12ARG	12CYS	12SER	12VAL	13ASP
12ALA	8	1,42*	12,66	NA	5,81[†]	2,78[†]	6,31[†]	13,21
12ASP	6,6	12,56	2,42*	NA	NA	13,44	11,21	13,55
12ARG	8	13,12	11,56	1,12*	11,42	NA	13,43	12,66
12CYS	8	14,2	12,48	9,23	0,98*	NA	7,96[†]	12,88
12SER	8	NA	13,39	13,31	NA	3,02*	12,99	13,97
12VAL	7,5	6,83[†]	NA	NA	NA	13,38	0,28*	13,74
13ASP	7,5	NA	13,29	13,89	NA	NA	14,36	4,5*

NA: nessuna reattività crociata.

* Valori ΔC_T dalle reazioni corrispondenti.

[†] Valori ΔC_T ottenuti dalle reazioni con reattività crociata al di sotto del valore di cut-off.

Tabella 20. Reattività crociata (ΔC_T) tra le reazioni delle mutazioni utilizzando DNA da linea cellulare NSCLC FFPE all'intervallo iniziale alto

DNA mutante	Cut-off	ΔC_T saggio						
		12ALA	12ASP	12ARG	12CYS	12SER	12VAL	13ASP
12ALA	8	1,31*	12,8	NA	5,01[†]	2,26[†]	5,57[†]	12,65
12ASP	6,6	12,61	1,66*	NA	NA	NA	10,3	12,60
12ARG	8	12,98	11,08	0,81*	11,24	NA	12,66	12,62
12CYS	8	NA	12,22	7,84[†]	0,56*	NA	13,06	11,84
12SER	8	NA	12,87	13,21	NA	1,93*	13,25	12,93
12VAL	7,5	5,93[†]	14,29	NA	NA	13,14	0,45*	12,39
13ASP	7,5	NA	NA	NA	NA	NA	NA	2,02*

NA: nessuna reattività crociata.

* Valori ΔC_T dalle reazioni corrispondenti.

[†] Valori ΔC_T ottenuti dalle reazioni con reattività crociata al di sotto del valore di cut-off.

Ripetibilità e riproducibilità

L'obiettivo dello studio era dimostrare la precisione del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR sia nello stesso laboratorio (ripetibilità) sia tra diversi laboratori (riproducibilità). Sono state confermate sia la correttezza della classificazione delle mutazioni, sia la precisione dei valori ΔC_T (la differenza nei valori C_T tra una reazione di mutazione e la reazione di controllo).

CRC

Per la valutazione sono stati utilizzati campioni di carcinoma coloretale (CRC). Un campione wild-type e un campione per ogni mutazione sono stati analizzati con il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR da 2 operatori presso ciascuno dei 3 siti. Tutti i campioni e i controlli sono stati analizzati utilizzando 3 lotti di kit *therascreen* KRAS RGQ PCR, ogni giorno per 5 giorni, con 2 sedute al giorno e con 2 repliche di ogni campione in ogni seduta. I valori C_T e ΔC_T ottenuti per ogni reazione in ogni campione sono stati inoltre analizzati applicando l'analisi delle componenti della varianza.

È stata dimostrata la riproducibilità del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR per campioni wild-type e con mutante di basso livello ($3 \times \text{LOD}$), con classificazioni delle mutazioni corrette in almeno 39 casi su 40 per tutti i saggi dei diversi lotti,

strumenti e operatori, sia nello stesso laboratorio, sia tra laboratori diversi. È stata indicata la proporzione stimata sia complessiva, sia nell'ambito di ognuno dei siti, per quanto riguarda i campioni 3 × LOD che hanno prodotto risultati di positività alla mutazione e wild-type. Per tutti i saggi e le combinazioni di campioni, almeno 79 repliche su 80 hanno fornito la classificazione corretta della mutazione (Tabella 21).

Tabella 21. Classificazioni corrette complessive

Campione	Classificazioni corrette del saggio di mutazione						
	12ALA	12ARG	12ASP	12CYS	12SER	12VAL	13ASP
Mutante 3 × LOD	79/80	80/80	80/80	79/80	80/80	80/80	80/80
Wild-type (basso)	80/80	79/80	80/80	80/80	79/80	79/80	80/80

NSCLC

Per ognuna delle 7 mutazioni KRAS di NSCLC sono stati utilizzati 3 campioni, uno per ognuno dei 3 metodi di acquisizione impiegati (resezione, agobiopsia e agoaspirato). Altri 6 campioni clinici wild-type (2 campioni per ciascuno dei 3 metodi di acquisizione impiegati) sono stati utilizzati per creare i pool di DNA wild-type di diluizione.

I vari estratti così ottenuti sono stati riuniti in un pool per ognuno dei campioni mutanti, così da creare un solo pool di campioni per mutazione. Ogni pool di campioni di una mutazione è stato diluito in modo da generare campioni di analisi con livelli di mutazione pari a 1 × LOD e 3 × LOD.

Nello studio sono stati utilizzati laboratori di 3 differenti siti. Le condizioni del laboratorio erano diverse in ogni sito e prevedevano l'uso di 2 strumenti Rotor-Gene Q MDx, 2 operatori, 2 lotti del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR e 2 sedute al giorno (per operatore) nel corso di 16 giorni non consecutivi.

Per tutti i saggi e le combinazioni di campioni, almeno 284 repliche su 288 hanno fornito la classificazione corretta della mutazione. La percentuale complessiva di classificazioni corrette, di tutti i saggi combinati, per il gruppo 1 × LOD è stata del 100%. La percentuale complessiva di classificazioni corrette, di tutti i saggi combinati, per il gruppo 3 × LOD è stata del 99,6%. La percentuale complessiva di classificazioni corrette per i campioni (wild-type) per cui non sono state rilevate mutazioni è stata del 100% (Tabella 22).

Tabella 22. Classificazioni corrette per 1 × LOD, 3 × LOD e wild-type

Livello mutazionale	Saggio	Classificazioni corrette	Classificazioni corrette, %	IC al 90% bilaterale inferiore
1 × LOD	12ALA	288/288	100	98,97
	12ARG	288/288	100	98,97
	12ASP	288/288	100	98,97
	12CYS	284/284	100	96,85
	12SER	284/284	100	96,85
	12VAL	288/288	100	98,97
	13ASP	288/288	100	98,97
3 × LOD	12ALA	288/288	100	98,97
	12ARG	288/288	100	98,97
	12ASP	288/288	100	98,97
	12CYS	284/288	98,61	96,85
	12SER	284/288	98,61	96,85
	12VAL	288/288	100	98,97
	13ASP	287/287	100	98,96
Wild-type		285/285	100	98,95

Variabilità nella gestione dei campioni

L'obiettivo di questo studio era valutare l'effetto della variabilità nella gestione dei campioni, in modo specifico dell'estrazione del DNA, sul kit *therascreen* KRAS RGQ PCR. Questo studio integra lo studio sulla ripetibilità e sulla riproducibilità, analizzando la variabilità nella gestione dei campioni quando le stesse sezioni cliniche FFPE e le stesse sezioni di linee cellulari FFPE sono state analizzate in 3 laboratori diversi con il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR.

CRC

Sono state ottenute 30 sezioni sequenziali di 5 µm l'una da ognuno dei 10 campioni FFPE di CRC (3 wild-type e 1 per ogni mutazione). Le sezioni sono state distribuite in modo random tra i 3 siti di analisi, in modo che ogni sito potesse ricevere 10 sezioni per campione FFPE (100 sezioni in totale). Su 300 estrazioni di DNA analizzate, 298 campioni sono risultati validi. La concordanza rispetto alle classificazioni delle mutazioni KRAS tra i 3 siti è stata del 99,33%.

Sulla base di un confronto sito per sito dei valori ΔC_T per i campioni mutanti e wild-type, è stata evidenziata una ravvicinata concordanza tra i risultati. I risultati dimostrano la concordanza della procedura di estrazione del DNA e di elaborazione del campione in concomitanza con il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR.

NSCLC

Nello studio sono stati utilizzati 13 campioni clinici di NSCLC (3 × 12ASP, 3 × 12CYS, 4 × 12VAL e 3 wild-type) e 4 campioni di linee cellulari FFPE (12ALA, 12ARG, 12SER e 13ASP). I campioni erano rappresentativi dei diversi metodi di acquisizione: resezione chirurgica, agoaspirato con ago sottile e agobiopsia con ago a scatto. Dove non erano disponibili campioni clinici di tessuto NSCLC, per rappresentare mutazioni rare sono state utilizzate linee cellulari.

I 3 batch costituiti da 20 sezioni FFPE sono quindi stati assegnati in modo casuale ai 3 siti. In ognuno dei 3 siti, l'estrazione del DNA è stata eseguita su un batch di 20 sezioni FFPE (10 coppie) per mutazione e wild-type.

Quando tutte le preparazioni dei campioni nei 3 diversi siti di analisi sono state analizzate con il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR, tutte le 7 mutazioni e i campioni wild-type sono stati classificati correttamente. Nel complesso i singoli campioni delle 7 mutazioni e i campioni wild-type sono stati classificati correttamente al 100% e ciò dimostra che l'estrazione del DNA e la rilevazione delle

mutazioni tramite il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR è omogenea e coerente tra i siti.

Equivalenza dei metodi di acquisizione dei campioni (solo NSCLC)

L'obiettivo di questo studio era valutare se la classificazione delle mutazioni per i campioni di NSCLC eseguita con il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR sia o meno influenzata dal metodo di acquisizione dei campioni. I 3 metodi di acquisizione valutati in questo studio sono: resezione, agoaspirato con ago sottile (fine needle aspiration, FNA), agobiopsia con ago a scatto (core needle biopsy, CNB).

Per questo studio, campioni di agobiopsia e agoaspirato "dello stesso paziente" sono stati ottenuti da campioni tumorali acquisiti tramite resezione chirurgica, in modo da avere a disposizione campioni di uno stesso tumore con i 3 diversi metodi di acquisizione. Per questo studio erano disponibili 169 campioni ottenuti tramite resezione, 169 ottenuti tramite agobiopsia con ago a scatto e 169 ottenuti tramite agoaspirato con ago sottile.

Ogni campione è stato estratto e analizzato con il saggio di controllo KRAS. Tutti i campioni che hanno generato un risultato valido (169 resezioni, 169 agobiopsie e 164 agoaspirati) sono stati analizzati con tutti gli 8 saggi KRAS.

Inoltre, per ciascuno dei campioni clinici FFPE di NSCLC, il DNA estratto utilizzato per l'analisi con il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR è stato analizzato anche tramite sequenziamento bidirezionale di Sanger, allo scopo di stabilire il livello di concordanza tra il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR e l'altro metodo. Relativamente a tutti i tipi di campioni e in confronto al sequenziamento bidirezionale di Sanger, è possibile affermare che il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR identifica in modo accurato lo stato mutazionale, con una percentuale di concordanza complessiva del 96,96%.

I risultati dello studio dimostrano che il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR fornisce risultati equivalenti con i 3 metodi di prelievo esaminati, come indicano le percentuali complessive di concordanza tra coppie:

- Agobiopsia rispetto ad agoaspirato 97,52 (limiti di confidenza 94,41-99,15)
- Agobiopsia rispetto a resezione 96,39 (limiti di confidenza 92,99-98,41)
- Agoaspirato rispetto a resezione 98,76 (limiti di confidenza 96,14-99,78)

Riferimenti bibliografici

Citazioni bibliografiche

1. Hilger, R.A., et al. (2002) The Ras-Raf-MEK-ERK pathway in the treatment of cancer. *Onkologie* **25**, 511.
2. Bachireddy, P., et al. (2005) Getting at MYC through RAS. *Clin. Cancer Res.* **11**, 4278.
3. Han, S.-W. et al. (2006) Optimization of patient selection for gefitinib in non-small cell lung cancer by combined analysis of epidermal growth factor receptor mutation, K-ras mutation, and AKT phosphorylation. *Clin. Cancer Res.* **12**, 2538.
4. Pao, W. et al. (2005) KRAS mutations and primary resistance of lung adenocarcinomas to gefitinib or erlotinib. *PloS Medicine* **2**, 57.
5. Newton, C.R. et al. (1989) Analysis of any point mutation in DNA. The amplification refractory mutation system (ARMS). *Nucleic Acids Res.* **17**, 2503.
6. Whitcombe, D. et al. (1999) Detection of PCR products using self-probing amplicons and fluorescence. *Nature Biotech.* **17**, 804.
7. Catalog of Somatic Mutations in Cancer:
www.sanger.ac.uk/genetics/CGP/cosmic.
8. Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI) (2004). *Protocols for Determination of Limits of Detection and Limits of Quantitation: Approved Guideline. CLSI Document EP17-A*. Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute (formerly NCCLS).

Riferimenti utili

Amado, R.G. (2008) Wild-type KRAS is required for panitumumab efficacy in patients with metastatic colorectal cancer. *J. Clin. Oncol.* **26**, 1626.

Benvenuti, S. et al. (2007) Oncogenic activation of the RAS/RAF signaling pathway impairs the response of metastatic colorectal cancers to anti-epidermal growth factor receptor antibody therapies. *Cancer Res.* **67**, 2643.

Bokemeyer, C. et al., (2008) K-RAS status and efficacy of first-line treatment of patients with metastatic colorectal cancer (mCRC) with FOLFOX with or without cetuximab: The OPUS experience. *J. Clin. Oncol.* **26** (May 20 suppl; abstr 4000).

- Chaft, J.E. et al. (2013) Phase II trial of neoadjuvant bevacizumab plus chemotherapy and adjuvant bevacizumab in patients with resectable nonsquamous non-small-cell lung cancers. *J. Thorac. Oncol.* **8**, 1084.
- Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI) (2008). *User Protocol for Evaluation of Qualitative Test Performance: Approved Guideline*, 2nd ed. CLSI Document EP12-A2. Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute (formerly NCCLS).
- Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI) (2004). *Evaluation of Precision Performance of Quantitative Measurement Methods: Approved Guideline*, 2nd ed. CLSI Document EP05-A2. Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute (formerly NCCLS).
- De Roock, W. et al. (2007) KRAS mutations preclude tumor shrinkage of colorectal cancers treated with cetuximab. *J. Clin. Oncol.* **25**, 4132.
- De Roock, W. et al. (2008) KRAS wild-type state predicts survival and is associated to early radiological response in metastatic colorectal cancer treated with cetuximab. *Ann. Oncol.* **19**, 508.
- Di Fiore, F. et al. (2007) Clinical relevance of KRAS mutation detection in metastatic colorectal cancer treated by cetuximab plus chemotherapy. *Br. J. Cancer* **96**, 1166.
- Dingemans, A.M. et al. (2013) A phase II study of sorafenib in patients with platinum-pretreated, advanced (Stage IIIb or IV) non-small cell lung cancer with a KRAS mutation. *Clin. Cancer Res.* **3**, 743.
- Finocchiaro, G. et al. (2007) EGFR, HER2, and Kras as predictive factors for cetuximab sensitivity in colorectal cancer. *J. Clin. Oncol.* **25**, 4021.
- Jänne, P.A. et al. (2013) Selumetinib plus docetaxel for KRAS-mutant advanced non-small-cell lung cancer: a randomised, multicentre, placebo-controlled, phase 2 study. *Lancet Oncol.* **1**, 38.
- Karapetis C. et al. (2008) KRAS mutation status is a predictive biomarker for cetuximab benefit in the treatment of advanced colorectal cancer. Results from NCIC CTG CO.17: A phase III trial of cetuximab versus best supportive care. 10th World Congress on Gastrointestinal Cancer: Abstract o-037. Presented June 27, 2008.
- Khambata-Ford, S. et al. (2007) Expression of Epiregulin and Amphiregulin and K-ras mutation status predict disease control in metastatic colorectal cancer patients treated with cetuximab. *J. Clin. Oncol.* **25**, 3230.

Lièvre A. et al. (2008) KRAS mutations as an independent prognostic factor in patients with advanced colorectal cancer treated with cetuximab. *J. Clin. Oncol.* **26**, 374.

Lievre, A. et al. (2006) KRAS mutation status is predictive of response to cetuximab therapy in colorectal cancer. *Cancer Res.* **66**, 3992.

Reckamp, K.L. et al. (2014) A phase 2 trial of dacomitinib (PF-00299804), an oral, irreversible pan-HER (human epidermal growth factor receptor) inhibitor, in patients with advanced non-small cell lung cancer after failure of prior chemotherapy and erlotinib. *Cancer.* **120**, 1145.

Tejpar, S. et al. (2008) Relationship of efficacy with K-RAS status (wild type versus mutant) in patients with irinotecan-refractory metastatic colorectal cancer (mCRC), treated with irinotecan (q2w) and escalating doses of cetuximab (q1w): The EVEREST experience (preliminary data). *J. Clin. Oncol.* **26**, (May 20 suppl; abstr 4001).

Thelwell, N. et al. (2000) Mode of action and application of Scorpion primers to mutation detection. *Nucleic Acids Res.* **28**, 3752.

Van Cutsem, E. et al. (2008) K-RAS status and efficacy in the first-line treatment of patients with metastatic colorectal cancer (mCRC) treated with FOLFIRI with or without cetuximab: The CRYSTAL experience. *J Clin Oncol.* **26**, (May 20 suppl; abstr 2).

Simboli

I seguenti simboli potrebbero comparire sulle confezioni e sulle etichette:



<N>

Contenuto sufficiente per <N> reazioni



Utilizzare entro



Dispositivo medico-diagnostico in vitro



Numero di catalogo



Codice del lotto



Numero di materiale



Contenuto



Numero



Rappresentante autorizzato

Rn

"R" indica la revisione del manuale e "n" il numero della revisione



Limiti di temperatura



Produttore



Fare riferimento alle informazioni fornite nel manuale



Attenzione

Informazioni di contatto

Per l'assistenza tecnica e per ulteriori informazioni, visitate il sito del nostro servizio di assistenza tecnica **www.qiagen.com/Support**, chiamate lo 00800-22-44-6000 o contattate uno dei reparti del servizio tecnico QIAGEN o il distributore locale (vedere il retro di copertina o visitare il sito **www.qiagen.com**).

Appendice 1: protocollo del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR per la procedura manuale

Questa sezione contiene istruzioni per l'uso del kit *therascreen* KRAS RGQ PCR con il software RGQ versione 2.3 in modalità aperta, ovvero senza KRAS Assay Package.

Informazioni generali

- Per i materiali richiesti, vedere "Materiale necessario ma non fornito", pagina 11.
- Per istruzioni complete sulla preparazione e sull'allestimento dei campioni, vedere "Protocollo: valutazione del campione di DNA" a pagina 17 e "Protocollo: rilevazione delle mutazioni KRAS" a pagina 30.

Protocollo: creazione di un profilo di temperature

Prima di iniziare è necessario creare un profilo di temperature per l'analisi KRAS. I parametri di ciclaggio sono gli stessi descritti per le procedure di valutazione del campione e delle mutazioni.

Procedura

I parametri di ciclaggio sono riportati nella Tabella 23.

Tabella 23. Parametri di ciclaggio

Cicli	Temperatura	Durata	Acquisizione di dati
1	95°C	15 minuti	No
40	95°C	30 secondi	No
	60°C	60 secondi	Verde e giallo

1. Fare doppio clic sull'icona del software Rotor-Gene Q serie 2.3, sul desktop del computer portatile collegato allo strumento Rotor-Gene Q MDx. Selezionare la scheda "Advanced" (Avanzate) nella finestra "New Run" (Nuova seduta) che viene visualizzata.
2. Per creare un nuovo modello selezionare "Empty Run" (Seduta vuota), quindi fare clic su "New" (Nuova) per avviare "New Run Wizard" (Creazione guidata nuova seduta).

3. Come tipo di rotore selezionare "72-Well Rotor" (Rotore a 72 pozzetti). Confermare che l'anello bloccante è montato selezionando la casella "Locking Ring Attached" (Anello bloccante collegato). Fare clic su "Next" (Avanti) (Figura 21).

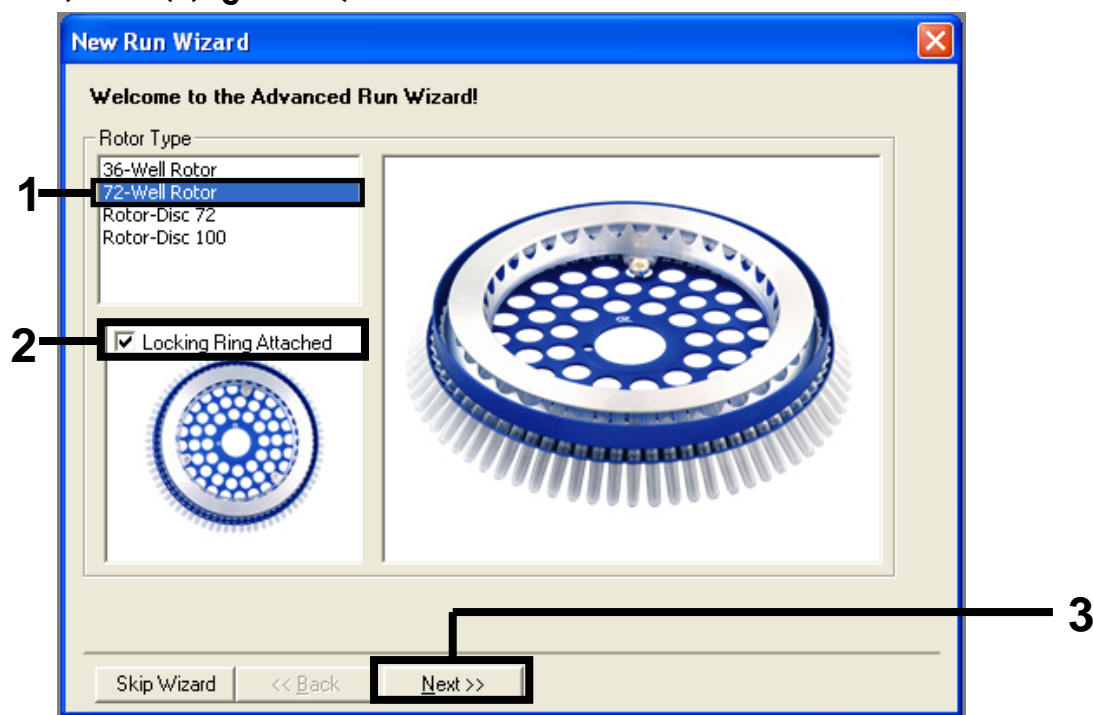


Figura 21. Finestra di dialogo "New Run Wizard" (Creazione guidata nuova seduta).
1 = "Rotor Type" (Tipo rotore); 2 = casella "Locking Ring Attached" (Anello bloccante collegato); 3 = "Next" (Avanti).

4. Immettere il nome dell'operatore. Aggiungere eventuali note e immettere 25 come volume della reazione. Assicurarsi che nella casella "Sample Layout" (Configurazione campioni) sia indicato "1, 2, 3...". Fare clic su "Next" (Avanti) (Figura 22).

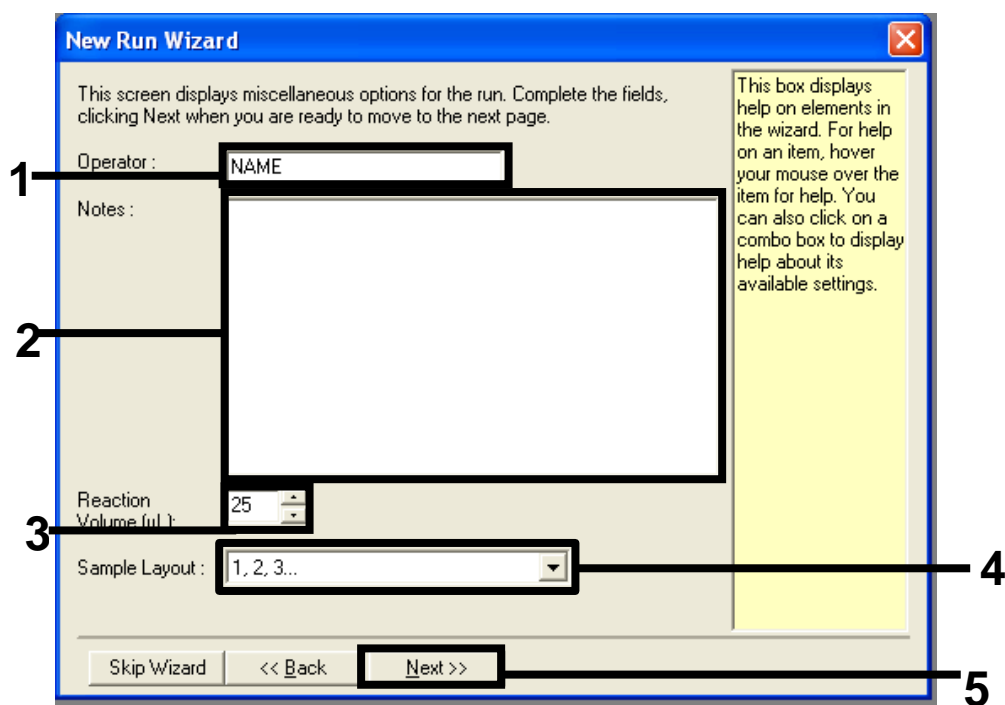


Figura 22. Immissione del nome dell'operatore e dei volumi delle reazioni. 1 = campo "Operator" (Operatore); 2 = campo "Notes" (Annotazioni); 3 = campo "Reaction Volume" (Volume reazione); 4 = "Sample Layout" (Configurazione campioni); 5 = "Next" (Avanti).

5. Fare clic su "Edit Profile" (Modifica profilo) nella finestra di dialogo "New Run Wizard" (Procedura guidata nuova seduta) (Figura 23), quindi programmare il profilo di temperature in base alle informazioni fornite nei seguenti passaggi.

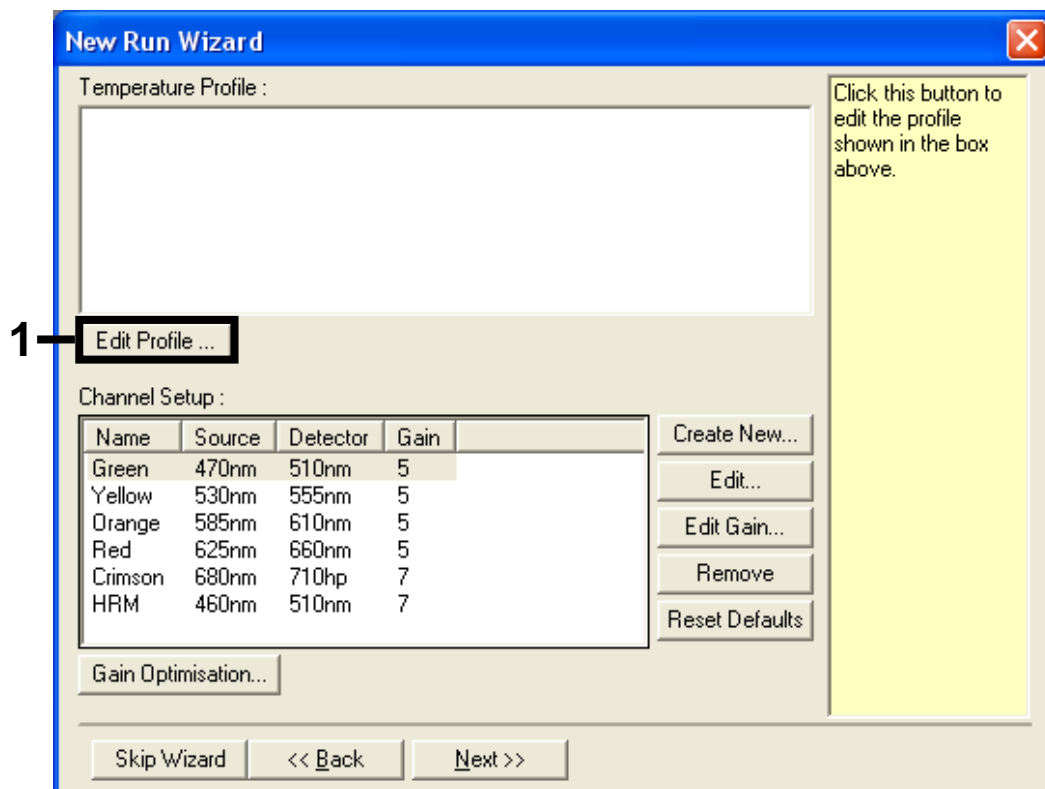


Figura 23. Modifica del profilo.

6. Fare clic su "Insert after" (Inserisci dopo), quindi selezionare "New Hold at Temperature" (Nuova sospensione alla temperatura) (Figura 24).

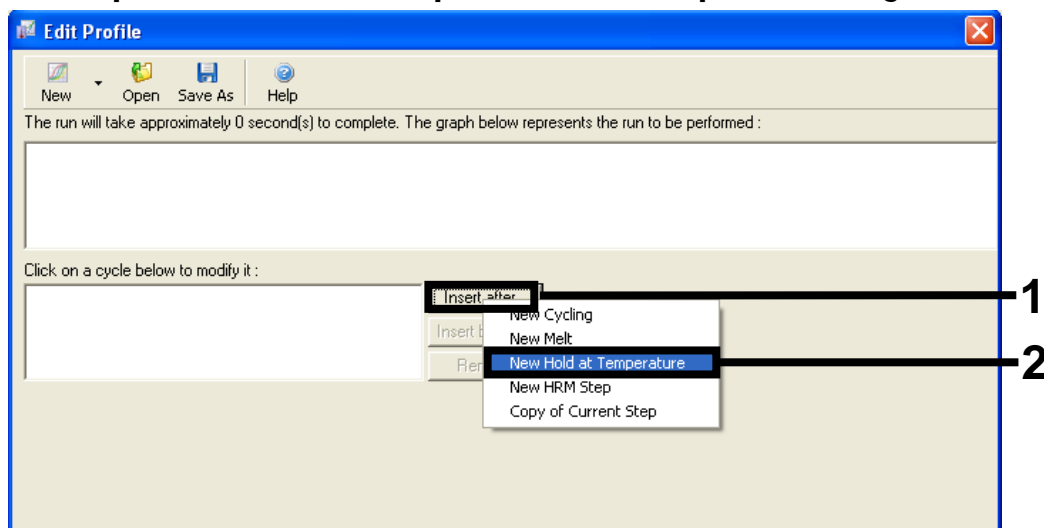


Figura 24. Aggiunta di una fase di incubazione iniziale. 1 = "Insert after" (Inserisci dopo); 2 = "New Hold at Temperature" (Nuova sospensione alla temperatura).

7. Cambiare "Hold Temperature" (Temperatura di sospensione) in 95°C e "Hold Time" (Durata sospensione) in 15 mins 0 secs. Fare clic su "Insert after" (Inserisci dopo), quindi selezionare "New Cycling" (Nuovo ciclaggio) (Figura 25).

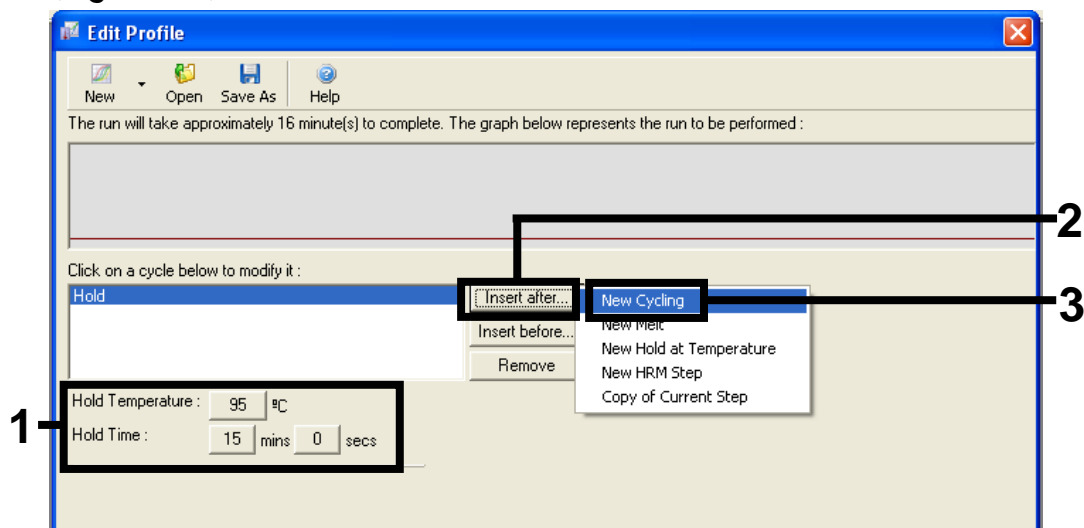


Figura 25. Passaggio di incubazione iniziale a 95°C. 1 = "Hold Temperature" (Temperatura di sospensione) e "Hold Time" (Durata sospensione); 2 = "Insert after" (Inserisci dopo); 3 = "New Cycling" (Nuovo ciclaggio).

8. Impostare 40 come numero di ripetizioni del ciclo. Selezionare il primo passaggio e impostare su "95°C for 30 secs" (95°C per 30 secondi) (Figura 26).

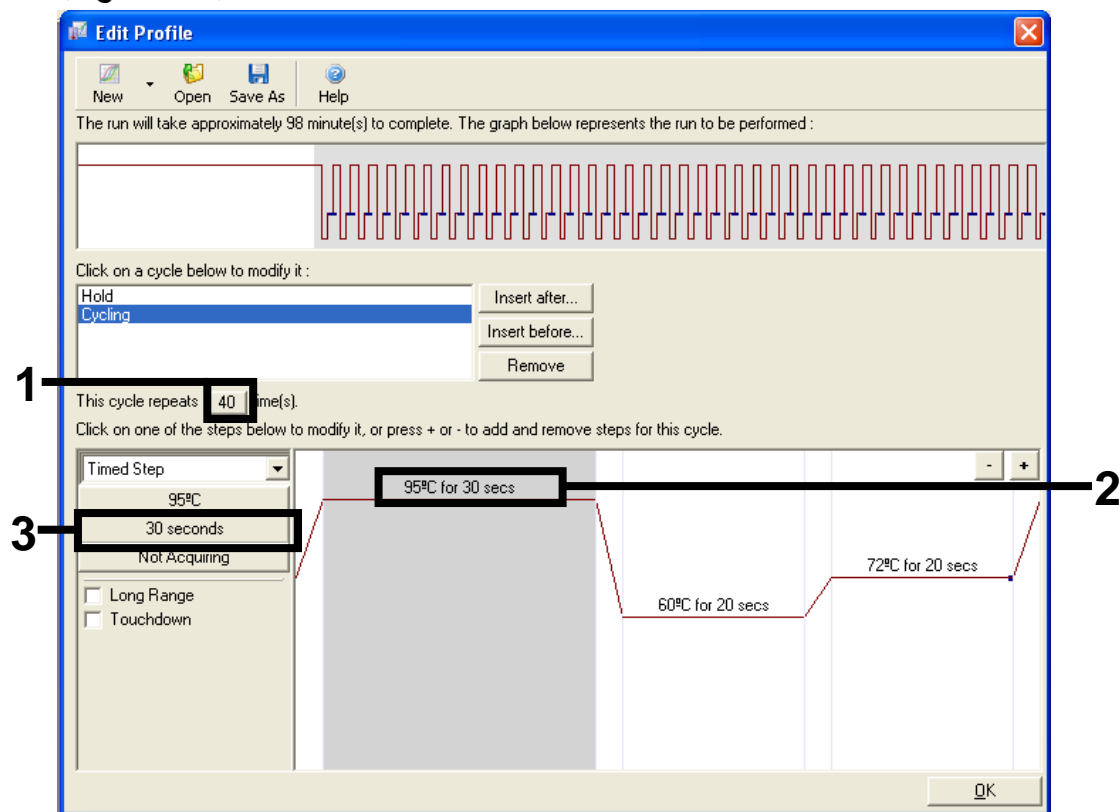


Figura 26. Passaggio di ciclaggio a 95°C. 1 = casella relativa al numero di ripetizioni dei cicli; 2 = impostazione della temperatura nel primo passaggio; 3 = impostazione della durata nel primo passaggio.

9. Evidenziare il secondo passaggio e impostare su "60°C for 60 secs" (60°C per 60 secondi). Abilitare l'acquisizione di dati in questo passaggio selezionando "Not Acquiring" (No acquisizione) (Figura 27).

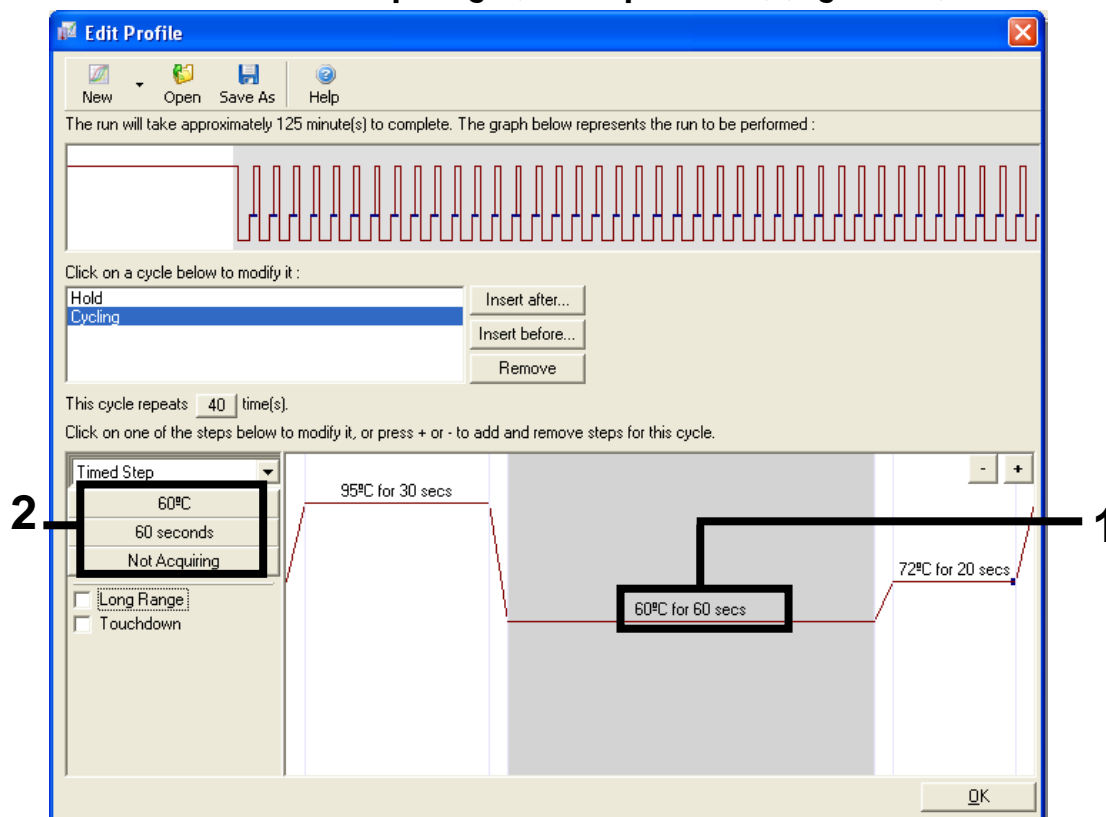


Figura 27. Passaggio di ciclaggio a 60°C. 1 = impostazione della temperatura e della durata nel secondo passaggio; 2 = "Not Acquiring" (No acquisizione).

Impostare i canali di acquisizione "Green" e "Yellow" (Verde e Giallo) selezionando ">" per spostare questi elementi nell'elenco "Available Channels" (Canali disponibili). Fare clic su "OK" (Figura 28).

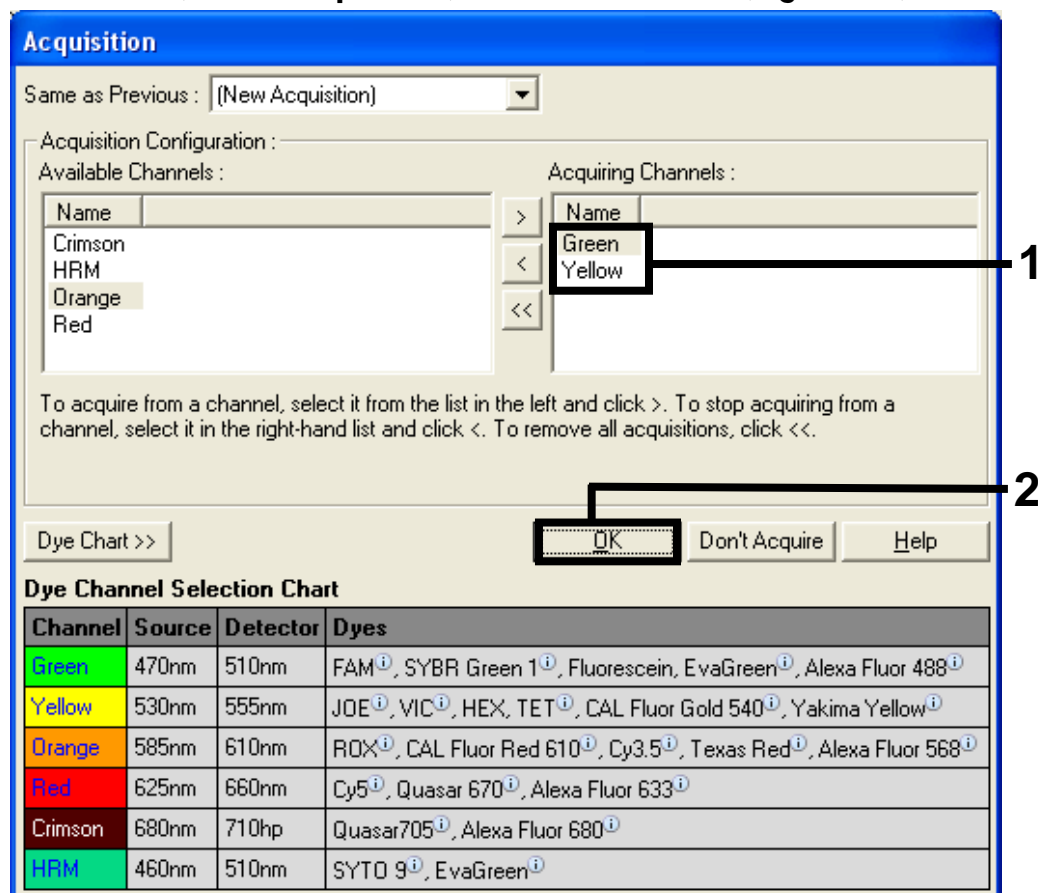


Figura 28. Acquisizione durante la fase di ciclaggio a 60°C.

10. Evidenziare il terzo passaggio e cancellare facendo clic su “-”. Fare clic su “OK” (Figura 29).

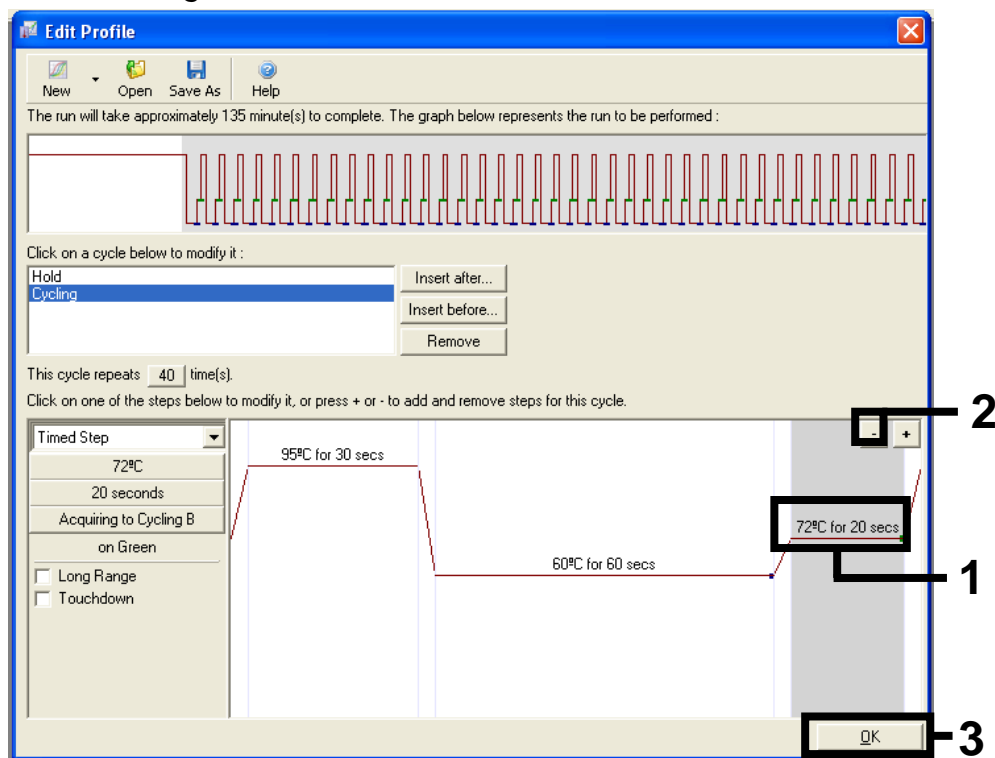


Figura 29. Rimozione del passaggio di estensione.

11. Nella finestra di dialogo successiva fare clic su “Gain Optimisation” (Ottimizzazione del guadagno) (Figura 30).

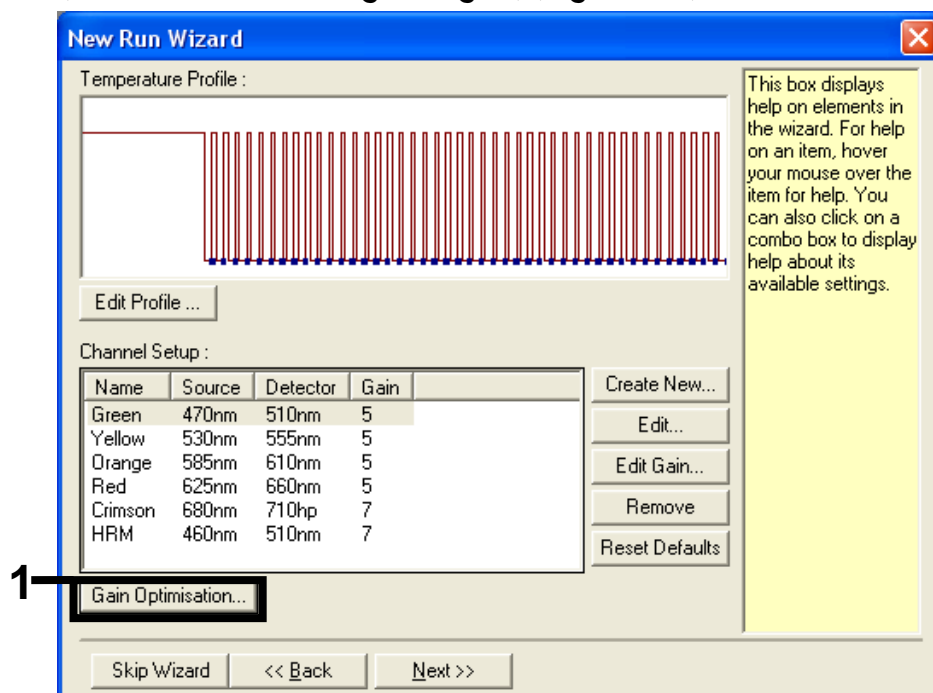


Figura 30. Ottimizzazione del guadagno.

12. Fare clic su “Optimise Acquiring” (Ottimizza acquisizione). Per ogni canale vengono visualizzate le impostazioni corrispondenti. Accettare i valori predefiniti facendo clic su “OK” per entrambi i canali (Figura 31).

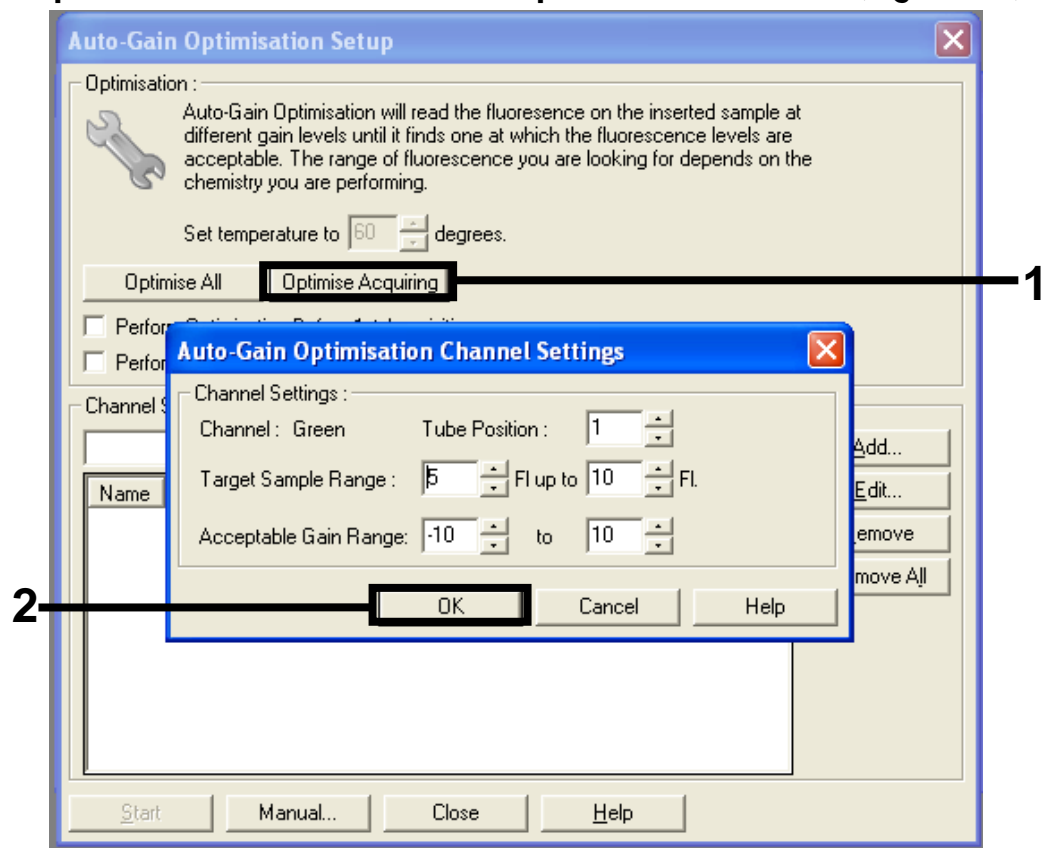


Figura 31. Ottimizzazione automatica del guadagno per il canale verde.

13. Selezionare la casella “Perform Optimisation before 1st Acquisition” (Esegui ottimizzazione prima della 1a acquisizione), quindi fare clic su “Close” (Chiudi) per tornare alla procedura guidata (Figura 32).

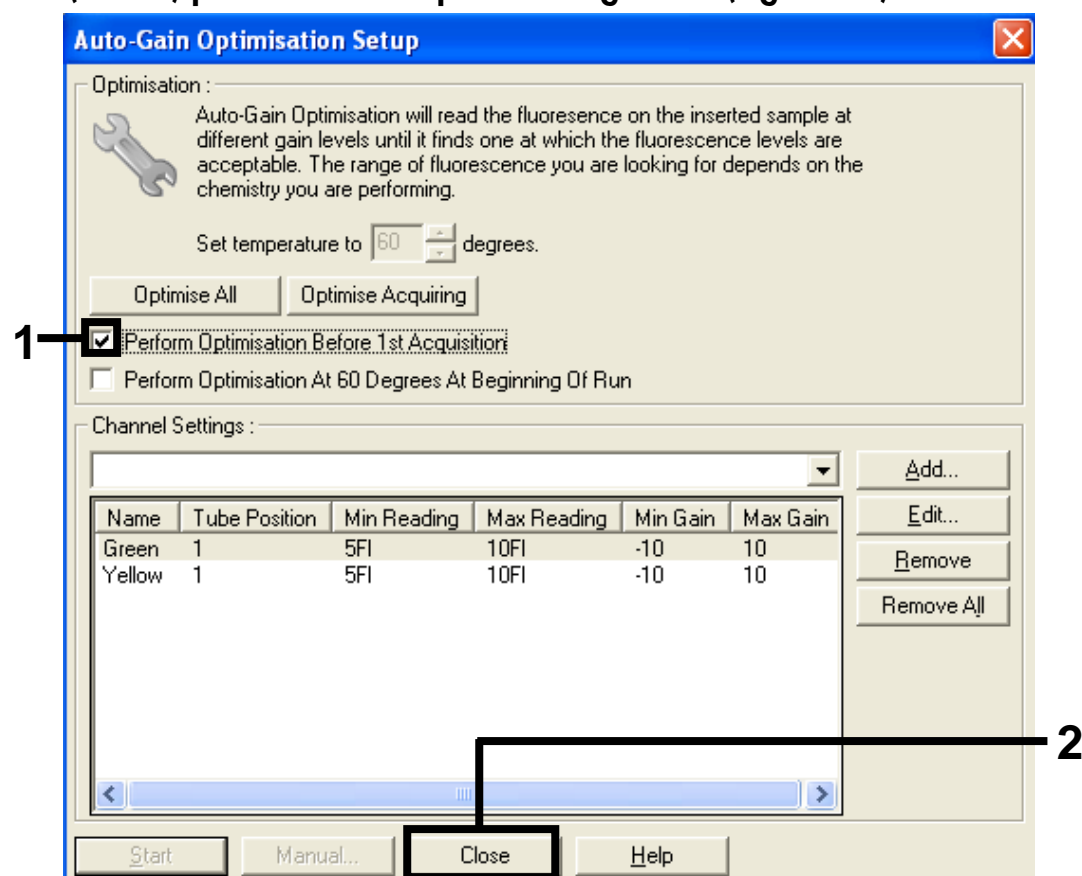


Figura 32. Selezione dei canali verde e giallo.

14. Fare clic su “Next” (Avanti) e salvare il modello in un percorso appropriato, selezionando “Save Template” (Salva modello).

Protocollo: valutazione dei campioni (manuale)

Questo protocollo consente di valutare il DNA totale amplificabile presente nei campioni e deve essere eseguito prima dell'analisi delle mutazioni KRAS.

- Preparare i campioni secondo le modalità descritte nel paragrafo “Protocollo: valutazione del campione di DNA” a pagina 17.
- Configurare la seduta PCR sullo strumento Rotor-Gene Q MDx con le impostazioni descritte nel paragrafo “Protocollo: configurazione di una seduta theascreen KRAS PCR RGQ” a pagina 86.
- Al termine della seduta, analizzare i dati seguendo le istruzioni contenute nel paragrafo “Analisi dei dati relativi alla valutazione dei campioni” a pagina 90.

Protocollo: rilevazione delle mutazioni KRAS (manuale)

Se supera la valutazione, il campione può essere analizzato al fine di rilevare eventuali mutazioni KRAS.

- Preparare i campioni secondo le modalità descritte nel paragrafo “Protocollo: rilevazione delle mutazioni KRAS” a pagina 30.
- Configurare la seduta PCR sullo strumento Rotor-Gene Q MDx con le impostazioni descritte nel paragrafo “Protocollo: configurazione di una seduta *therascreen* KRAS PCR RGQ” a pagina 86.
- Al termine della seduta, analizzare i dati seguendo le istruzioni contenute nel paragrafo “Analisi della rilevazione della mutazione KRAS” a pagina 92.

Protocollo: configurazione di una seduta *therascreen* KRAS PCR RGQ

1. **Avviare il software Rotor-Gene Q serie 2.3 e aprire il profilo di temperature appropriato.**
Creare il profilo di temperature facendo riferimento a “Protocollo: creazione di un profilo di temperature”, pagina 75.
2. **Assicurarsi che sia selezionato il rotore corretto e spuntare la casella per confermare che l'anello bloccante è montato. Fare clic su “Next” (Avanti) (Figura 33).**

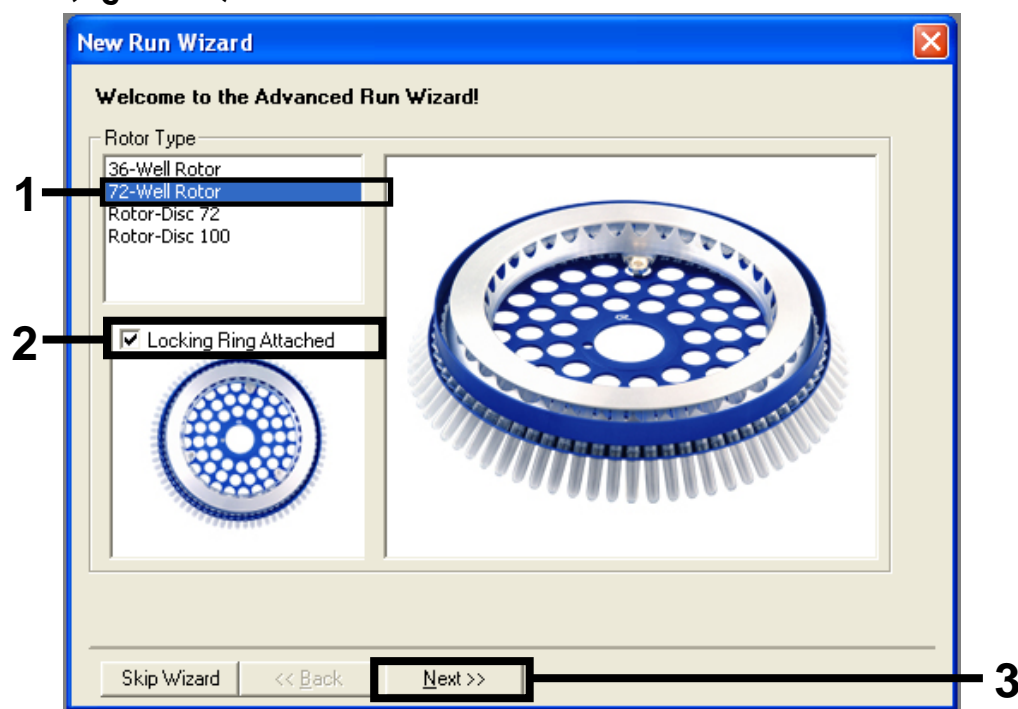


Figura 33. Finestra di dialogo “New Run Wizard” (Creazione guidata nuova seduta) e schermata di benvenuto. 1 = “Rotor Type” (Tipo rotore); 2 = casella “Locking Ring Attached” (Anello bloccante collegato); 3 = “Next” (Avanti).

3. Immettere il nome dell'operatore. Aggiungere eventuali note, controllare che il volume della reazione sia impostato su 25 e che nella casella "Sample Layout" (Configurazione campioni) sia indicato "1, 2, 3...". Fare clic su "Next" (Avanti) (Figura 34).

New Run Wizard

This screen displays miscellaneous options for the run. Complete the fields, clicking Next when you are ready to move to the next page.

Operator : NAME

Notes :

Reaction Volume (µL): 25

Sample Layout : 1, 2, 3...

Skip Wizard << Back **Next >>**

This box displays help on elements in the wizard. For help on an item, hover your mouse over the item for help. You can also click on a combo box to display help about its available settings.

Figura 34. Finestra di dialogo "New Run Wizard" (Creazione guidata nuova seduta).

1 = campi "Operator" (Operatore) e "Notes" (Annotazioni); 2 = campi "Reaction Volume" (Volume reazione) e "Sample Layout" (Configurazione campioni); 3 = "Next" (Avanti).

4. Nella finestra successiva è possibile modificare il profilo di temperature. Non sono necessarie modifiche se il profilo di temperature è stato creato rispettando le istruzioni fornite nella sezione “Protocollo: creazione di un profilo di temperature”, pagina 75. Fare clic su “Next” (Avanti) (Figura 35).

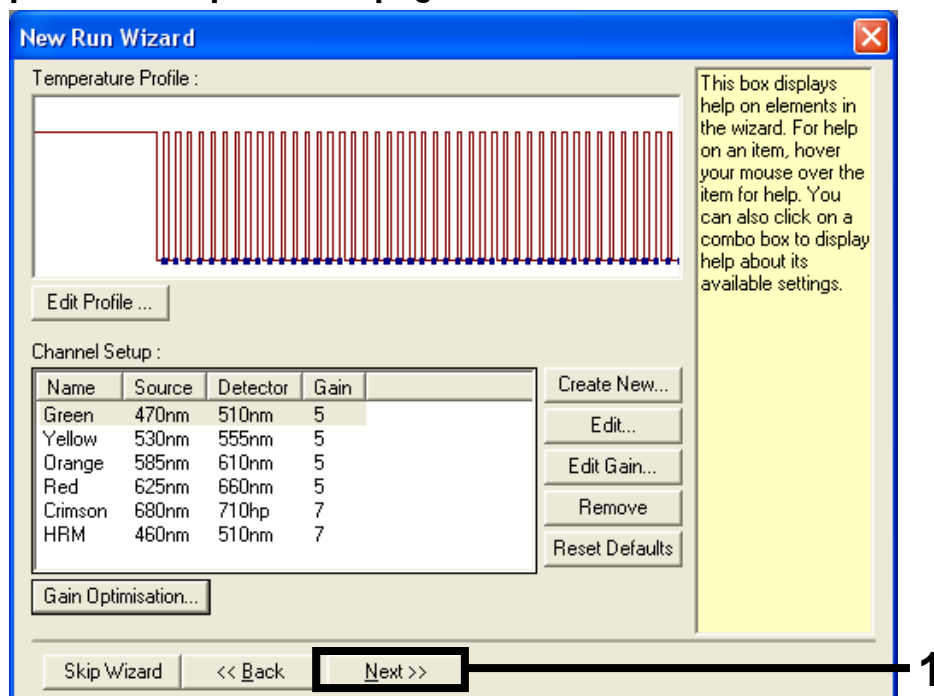


Figura 35. Finestra di dialogo “New Run Wizard” (Creazione guidata nuova seduta) e schermata di modifica delle temperature. 1 = “Next” (Avanti).

- Controllare il riepilogo e fare clic su “Start Run” (Avvia seduta) per salvare il file della seduta e avviare la seduta (Figura 36).

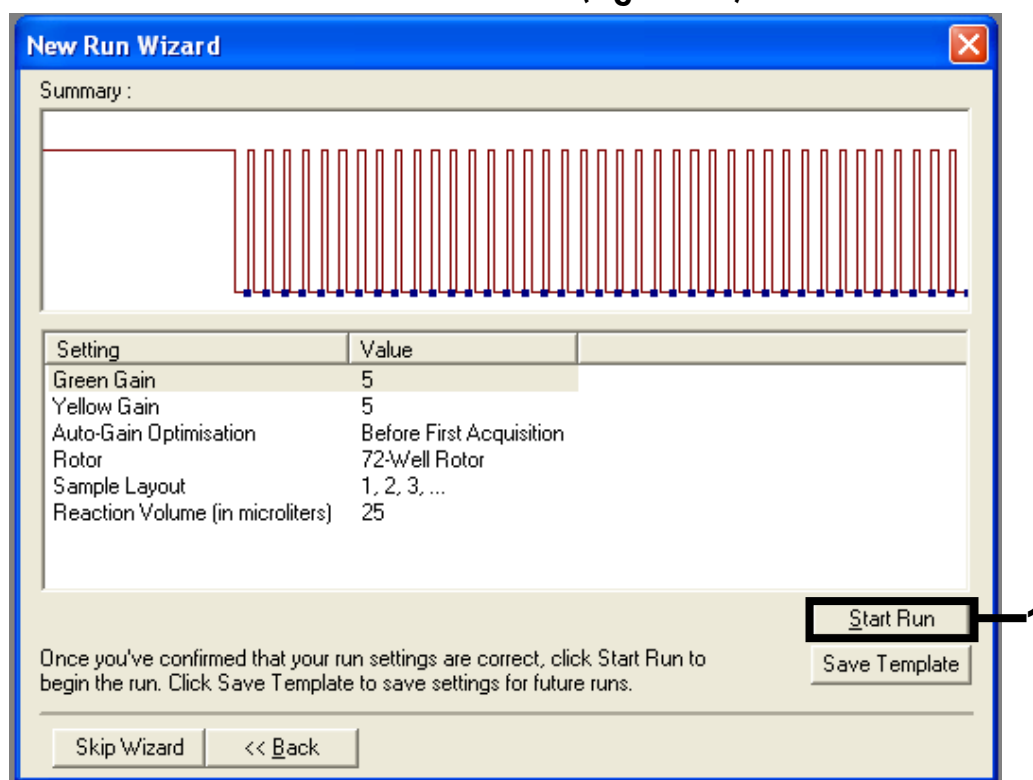


Figura 36. Finestra di dialogo “New Run Wizard” (Creazione guidata nuova seduta).
1 = “Start Run” (Avvia seduta).

- Dopo l’avvio della seduta viene visualizzata una nuova finestra, nella quale è possibile immettere subito i nomi dei campioni oppure, facendo clic su “Finish” (Fine), immettere i nomi in seguito, selezionando il pulsante “Sample” (Campione) durante o al termine della seduta.

Facendo clic su “Finish and Lock Samples” (Fine e blocca campioni) verrà impedita la modifica dei nomi dei campioni. L’utente deve prestare particolare attenzione durante l’inserimento dei nomi dei campioni per assicurare una corretta esecuzione dei test e delle analisi sui campioni.

Nota: quando vengono inseriti i nomi dei campioni, è opportuno lasciare bianchi i pozzetti vuoti nella colonna “Name” (Nome).

- Al termine della seduta, analizzare i dati in base alle istruzioni fornite nei paragrafi “Analisi dei dati relativi alla valutazione dei campioni” a pagina 90 o “Analisi della rilevazione della mutazione KRAS” a pagina 92, a seconda dei casi.
- Se è necessario creare i report di quantificazione, fare clic sull’icona “Reports” nella barra degli strumenti del file della seduta Rotor-Gene Q.

Interpretazione dei risultati (manuale)

Al termine della seduta di valutazione del campione o di analisi della mutazione, è possibile analizzare i dati in base alla procedura seguente.

Impostazioni del software relative all'analisi

1. Aprire il file desiderato utilizzando il software Rotor-Gene Q 2.3.
2. Se i campioni non sono già stati nominati prima di eseguire la seduta, fare clic su "Edit Samples" (Modifica campioni).
3. Inserire i nomi dei campioni nella colonna "Name" (Nome).
4. Fare clic su "Analysis" (Analisi). Nella pagina dell'analisi fare clic su "Cycling A. Yellow" (Ciclaggio A. Giallo) per visualizzare il canale HEX.
5. Fare clic su "Named On" (Nominati).
Nota: in questo modo i pozzetti vuoti non rientrano nell'analisi.
6. Selezionare "Dynamic Tube" (Provetta dinamica).
7. Selezionare "Linear Scale" (Scala lineare).
8. Fare clic su "Outlier Removal" (Rimozione valori erratici) e inserire "10%" per "NTC Threshold" (Soglia NTC).
9. Impostare 0,05 per la soglia e controllare i valori C_T HEX.
10. Nella pagina dell'analisi fare clic su "Cycling A. Green" (Ciclaggio A. Verde) per visualizzare il canale FAM.
11. Verificare che sia evidenziata l'opzione "dynamic tube" (provetta dinamica). Fare clic su "Linear Scale" (Scala lineare).
12. Fare clic su "Outlier Removal" (Rimozione valori erratici) e inserire "10%" per "NTC Threshold" (Soglia NTC).
13. Impostare 0,05 per la soglia e controllare i valori C_T FAM.

Analisi dei dati relativi alla valutazione dei campioni

Analisi dei controlli della seduta

Fare riferimento al diagramma di flusso per l'analisi dei controlli nella seduta (Figura 37 a pagina 93).

- **Controllo negativo:** per confermare la totale assenza di contaminazione della miscela di reazione, il controllo senza template non deve generare un valore C_T inferiore a 40 nel canale verde. Per essere certi che la piastra sia stata allestita correttamente, l'amplificazione del controllo NTC deve essere compresa tra 31,91 e 35,16 nel canale giallo. I valori specificati sono compresi in questo intervallo.

- **Controllo positivo:** il controllo positivo (PC) KRAS deve necessariamente generare un valore C_T compreso tra 23,5 e 29,5 nel canale verde per ciascuno degli 8 saggi. I valori specificati sono compresi in questo intervallo. Un valore che non rientra in questo intervallo può essere sintomo di un problema di configurazione del saggio e causare quindi una seduta errata.

Nota: non utilizzare i dati dei campioni se uno di questi due controlli della seduta fallisce.

Posto che entrambi i controlli della seduta siano validi, il valore C_T di ogni campione deve rientrare nell'intervallo 21,92-32,00 nel canale verde. Se il campione non rientra in questo intervallo di valori, attenersi alle indicazioni seguenti.

Analisi dei campioni: saggio di controllo

- **Valore C_T del saggio di controllo del campione < 21,92:** è necessario diluire i campioni con un valore C_T del controllo uguale a <21,92, poiché questo valore rappresenta il limite minimo dell'intervallo valido del saggio. Per rilevare ogni mutazione a un livello basso, i campioni troppo concentrati devono essere diluiti in modo da rientrare nell'intervallo di valori indicato, tenendo presente che diluendo della metà si aumenterà il C_T di 1. Se il campione è vicino al valore di 21,92, è consigliabile eseguire la diluizione per ottenere un risultato dalla seduta analitica (individuazione delle mutazioni KRAS) del campione. I campioni devono essere diluiti con l'acqua fornita nel kit (acqua priva di nucleasi per diluizione [Dil.]).
- **Valore C_T del saggio di controllo del campione > 32:** è consigliabile ripetere l'estrazione del campione, in quanto il DNA template iniziale non è sufficiente per rilevare tutte le mutazioni ai valori di cut-off indicati per il saggio.

Analisi della rilevazione della mutazione KRAS

Analisi dei controlli della seduta

Fare riferimento al diagramma di flusso per l'analisi dei controlli nella seduta (Figura 37 a pagina 93).

- **Controllo negativo:** per confermare la totale assenza di contaminazione della miscela di reazione, il controllo senza template non deve generare un valore C_T inferiore a 40 nel canale verde. Per essere certi che la piastra sia stata allestita correttamente, l'amplificazione del controllo NTC deve essere compresa tra 31,91 e 35,16 nel canale giallo. I valori specificati sono compresi in questo intervallo.
- **Controllo positivo:** il controllo positivo (PC) KRAS deve necessariamente generare un valore C_T compreso tra 23,5 e 29,5 nel canale verde per ciascuno degli otto saggi. I valori specificati sono compresi in questo intervallo. Un valore che non rientra in questo intervallo può essere sintomo di un problema di configurazione del saggio e causare quindi una seduta errata.

Nota: non utilizzare i dati dei campioni se uno di questi due controlli della seduta fallisce.

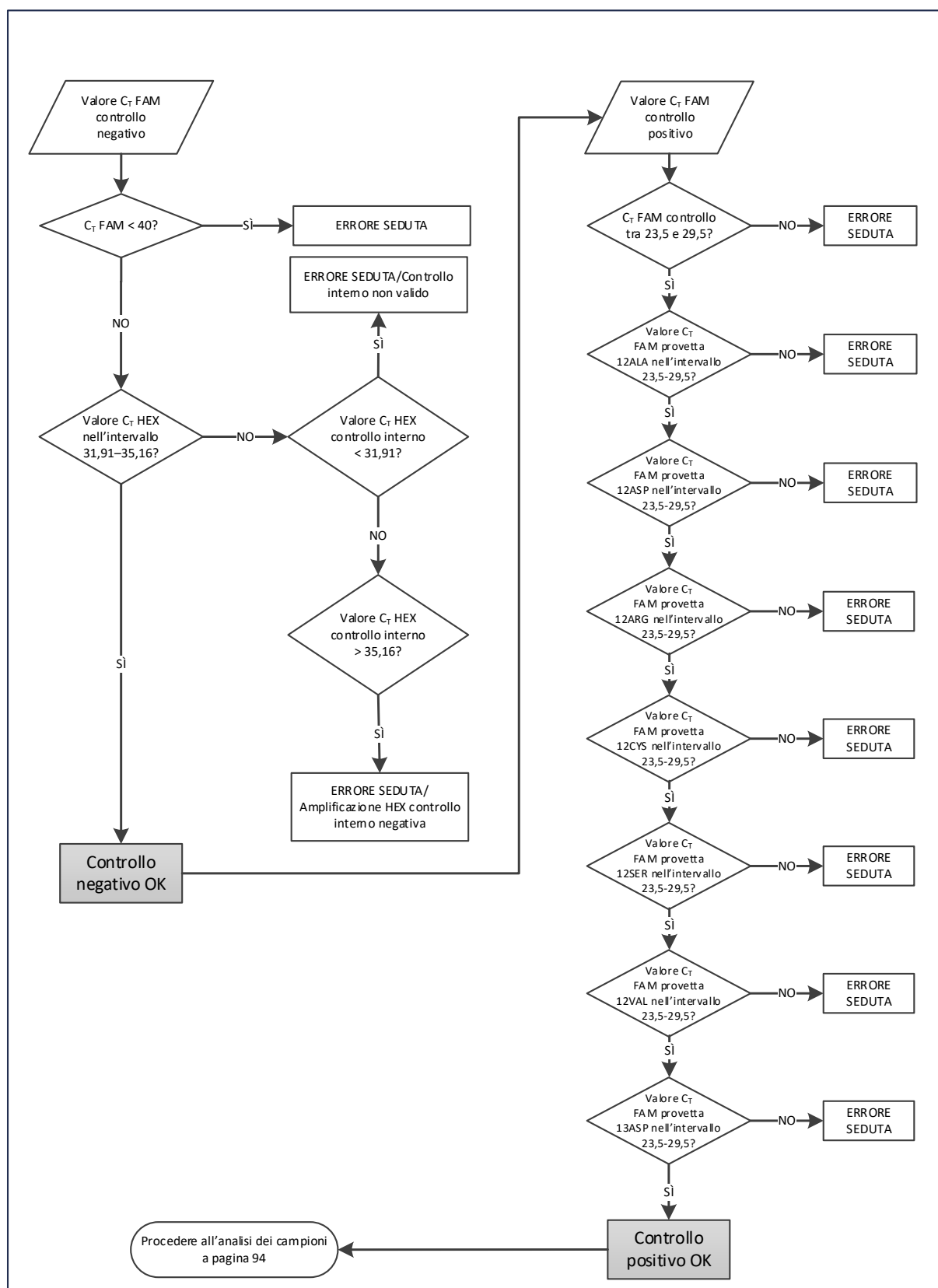


Figura 37. Diagramma di flusso per l'analisi dei controlli della seduta.

Analisi del campione

Fare riferimento al diagramma di flusso "Analisi dei campioni" nella Figura 38 a pagina 95.

Valore C_T FAM controllo campione

Posto che entrambi i controlli della seduta siano validi per il saggio di controllo, il valore C_T di ogni controllo del campione deve essere compreso nell'intervallo 21,92-32,00 nel canale verde.

Se il campione non rientra in questo intervallo di valori, attenersi alle indicazioni seguenti.

- **Valore C_T del saggio di controllo del campione < 21,92:** i campioni con un valore C_T di controllo < 21,92 determineranno un sovraccarico per i saggi di mutazione, pertanto devono essere diluiti. Per rilevare ogni mutazione a un livello basso, i campioni troppo concentrati devono essere diluiti in modo da rientrare nell'intervallo di valori indicato, tenendo presente che diluendo della metà si aumenterà il C_T di 1. I campioni devono essere diluiti con l'acqua fornita nel kit (acqua priva di nucleasi per diluizione [Dil.]).
- **Valore C_T del saggio di controllo del campione > 32:** interpretare i dati con cautela, poiché le mutazioni di livello molto basso potrebbero non essere rilevate.

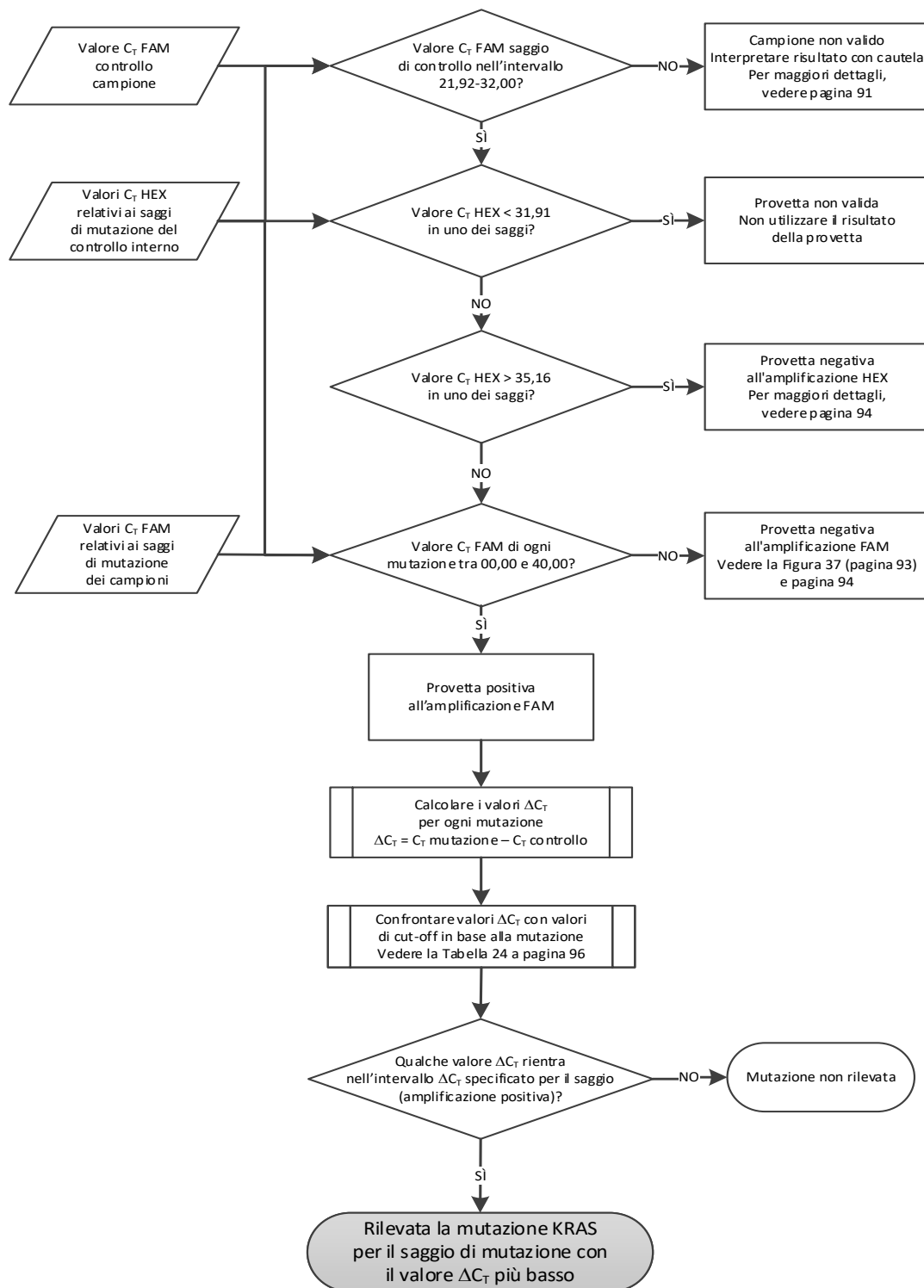


Figura 38. Diagramma di flusso per l'analisi dei campioni.

Valore C_T HEX relativo ai saggi di mutazione del controllo interno

Fare riferimento al diagramma di flusso "Analisi dei campioni" nella Figura 38 a pagina 95.

È necessario analizzare tutti i pozzetti di ogni campione. Accertarsi che ogni pozzetto generi un segnale HEX dal controllo interno. I possibili scenari sono 3:

- Se il valore C_T del controllo interno rientra nell'intervallo specificato (31,91-35,16), il risultato è positivo all'amplificazione HEX.
- Se il valore C_T del controllo interno è maggiore dell'intervallo specificato ($> 35,16$), il risultato è negativo all'amplificazione HEX.
- Se il valore C_T del controllo interno è minore dell'intervallo specificato ($< 31,91$), il risultato non è valido.

Se l'errore del controllo interno è dovuto all'inibizione della PCR, diluendo il campione è possibile ridurre l'effetto degli inibitori, tenendo tuttavia presente che in questo modo viene diluito anche il DNA target. Il kit contiene una provetta di acqua per la diluizione del campione (Dil.).

Valore C_T FAM relativo ai saggi di mutazione dei campioni

È necessario confrontare i valori FAM delle 7 miscele di reazione con i valori riportati nella Tabella 24.

Tabella 24. Valori accettabili per la reazione di mutazione nel campione (FAM)*

Saggio	Intervallo C_T accettabile	Intervallo ΔC_T
12ALA	0,00-40,00	$\leq 8,00$
12ASP	0,00-40,00	$\leq 6,60$
12ARG	0,00-40,00	$\leq 8,00$
12CYS	0,00-40,00	$\leq 8,00$
12SER	0,00-40,00	$\leq 8,00$
12VAL	0,00-40,00	$\leq 7,50$
13ASP	0,00-40,00	$\leq 7,50$

* I valori accettabili sono compresi in questo intervallo.

- Se il valore C_T FAM rientra nell'intervallo specificato, il risultato è positivo all'amplificazione FAM.
- Se il valore C_T FAM è al di sopra dell'intervallo specificato o non c'è amplificazione, il risultato è negativo all'amplificazione FAM.

Calcolare nel modo seguente il valore ΔC_T per ogni provetta di mutazione positiva all'amplificazione FAM, verificando che i valori C_T relativi alla mutazione e al controllo provengano dallo stesso campione.

$$\Delta C_T = C_T \text{ mutazione} - C_T \text{ controllo}$$

Confrontare il valore ΔC_T per il campione con il punto di cut-off per il saggio eseguito (Tabella 24), verificando che ad ogni saggio venga applicato il punto di cut-off corretto.

Il punto di cut-off è il punto al di sopra del quale potrebbe collocarsi un potenziale segnale positivo causato dal segnale di fondo del primer ARMS su DNA wild-type. Se il valore ΔC_T del campione è più alto del punto di cut-off, il campione viene classificato come negativo o al di sopra dei limiti di sensibilità del kit.

Per ogni campione verrà assegnato uno stato "mutation detected" (mutazione rilevata), "mutation not detected" (mutazione non rilevata) o "invalid" (non valido) rispetto ad ogni reazione di mutazione, secondo i seguenti criteri.

Mutazione rilevata:

- Risultato positivo all'amplificazione FAM e valore ΔC_T minore o uguale al valore di cut-off. Se vengono rilevate più mutazioni, dovrebbe essere segnalata la mutazione con il valore ΔC_T più basso.

Mutazione non rilevata:

- Risultato positivo all'amplificazione FAM e valore ΔC_T maggiore o uguale al valore di cut-off.
- Risultato negativo all'amplificazione FAM e positivo all'amplificazione HEX (controllo interno).

Non valido:

- Controllo interno HEX non valido.
- Risultato negativo all'amplificazione FAM e negativo all'amplificazione HEX.

Se un campione è negativo all'amplificazione HEX in una provetta ma positivo all'amplificazione FAM in un'altra provetta, è comunque possibile considerare

valido un risultato "mutation detected" (mutazione rilevata) nella seconda provetta, ma potrebbe essere inattendibile l'assegnazione della mutazione specifica rilevata.

- Se un campione è negativo all'amplificazione HEX e positivo all'amplificazione FAM nella stessa provetta, il risultato "mutation detected" deve essere considerato valido.
- Se una provetta genera un controllo interno non valido per il canale HEX, il risultato di tale provetta non deve essere utilizzato.

Assegnazione dello stato mutazionale del campione

Dopo la valutazione di tutte le provette di reazione delle mutazioni, lo stato mutazionale del campione viene determinato nel seguente modo:

- **Mutazione rilevata:** il campione è positivo a una o più reazioni di mutazione tra le 7 ricercate. Se vengono rilevate più mutazioni, dovrebbe essere segnalata la mutazione con il valore ΔC_T più basso.
- **Mutazione non rilevata:** il campione è negativo a tutte e 7 le reazioni di mutazione ricercate.
- **Non valido:** il campione non è positivo a nessuna delle quattro reazioni oppure una o più reazioni di mutazione sono risultate non valide.

Nota: il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR è destinato alla rilevazione delle mutazioni nel gene KRAS in un campione di DNA. Quando ad un campione viene assegnato un risultato positivo alla mutazione KRAS, viene segnalata una sola mutazione specifica. Se vengono rilevate più mutazioni, dovrebbe essere segnalata la mutazione con il valore ΔC_T più basso.

Potrebbe verificarsi una certa reattività crociata tra le reazioni delle mutazioni. Ad esempio, con una mutazione 12ALA di alto livello è possibile che anche altre reazioni generino un risultato positivo. Ciò è dovuto ai primer ARMS, che rilevano altre mutazioni di una sequenza simile all'altra. Se un secondo saggio di mutazione genera un risultato positivo, è probabile che si tratti di reattività crociata. I casi di doppi mutanti osservati sono molto rari.

Se una o più reazioni delle mutazioni non è valida o positiva, è possibile classificare comunque il campione come positivo alla mutazione KRAS, poiché è sicuramente presente una mutazione. Tuttavia la mutazione specifica che viene indicata nel referto potrebbe non essere accurata e potrebbe essere causata dalla reattività crociata. Di conseguenza, è opportuno segnalare soltanto che nel campione è stata rilevata una mutazione KRAS.

Appendice 2: installazione del software *therascreen* KRAS Assay Package

Il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR è concepito per l'uso con lo strumento Rotor-Gene Q MDx dotato di un rotore a 72 pozzetti. Il software *therascreen* KRAS Assay Package è disponibile separatamente su CD (n° cat. 9022641).

Per eseguire il download di *therascreen* KRAS Assay Package, visitare la pagina Web dedicata al kit *therascreen* KRAS RGQ PCR, sul sito **www.qiagen.com**. Le informazioni per il download sono disponibili nella sezione "Product Resources" (Risorse del prodotto), scheda "Supplementary Protocols" (Protocolli supplementari). È inoltre possibile ordinare i pacchetti di analisi su CD.

Il pacchetto include i modelli "*therascreen* KRAS CE QC Locked Template" e "*therascreen* KRAS CE Locked Template".

Nota: *therascreen* KRAS Assay Package versione 3.1.1 (QIAGEN, n° cat. 9023675) funzionerà soltanto con il software Rotor-Gene Q versione 2.3. Verificare di avere installato la versione corretta del software Rotor-Gene Q prima di procedere all'installazione del software *therascreen* KRAS Assay Package.

Procedura (download)

1. Scaricare *therascreen* KRAS RGQ Assay Package dalla pagina Web dedicata al kit *therascreen* KRAS RGQ PCR, sul sito **www.qiagen.com**.
2. Aprire il file compresso scaricato facendo doppio clic sul file .zip ed estraendo il file contenuto nell'archivio.
3. Avviare l'installazione facendo doppio clic sul file estratto: **therascreen_KRAS_Assay_Package_3.1.1.exe**.

Procedura (CD)

1. Ordinare il CD *therascreen* KRAS RGQ Assay Package CE compatibile con il software Rotor-Gene Q installato (vedere sopra), disponibile separatamente presso QIAGEN.
Versione 3.1.1. N° cat. 9023675.
2. Inserire il CD nell'unità CD del portatile collegato allo strumento Rotor-Gene Q MDx.

3. Avviare l'installazione facendo doppio clic sul file denominato **therascreen_KRAS_Assay_Package_3.1.1.exe**
OPPURE
therascreen_KRAS_Assay_Package_1.0.12.exe.
4. Viene visualizzata la procedura di installazione guidata. Fare clic su "Next" (Avanti) per proseguire (Figura 39).

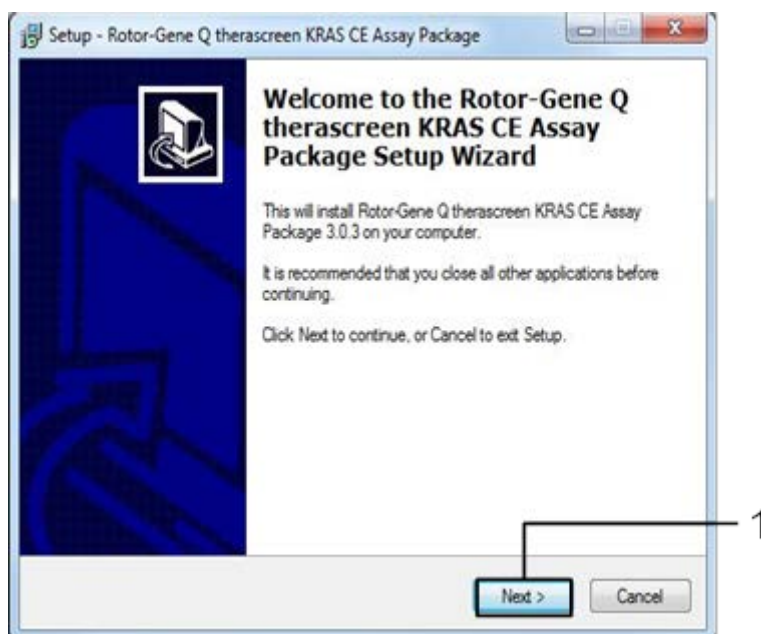


Figura 39. Finestra di dialogo di installazione. 1 = "Next" (Avanti).

5. Leggere il contratto di licenza nella finestra di dialogo "License Agreement" e accettare i termini e le condizioni spuntando la casella "I accept the agreement" (Sottoscrivo il contratto). Fare clic su "Next" (Avanti) per proseguire (Figura 40).

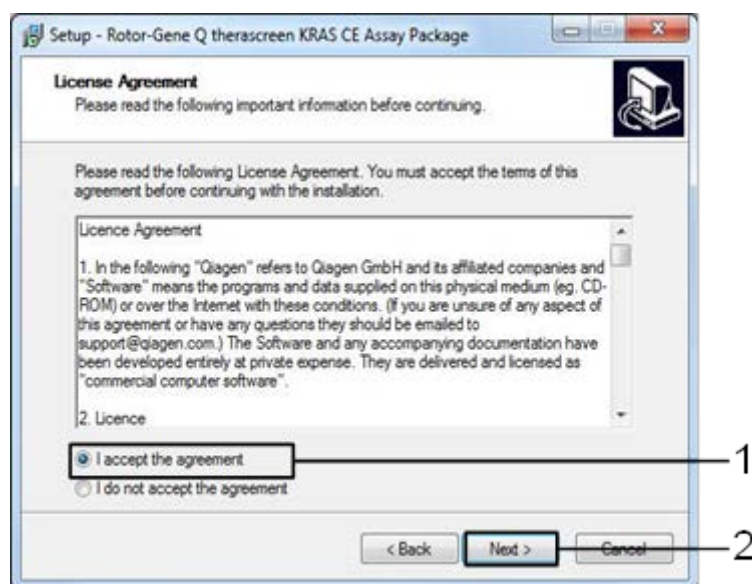


Figura 40. Finestra di dialogo "License Agreement" (Contratto di licenza). 1 = "I accept the agreement" statement (Sottoscrivo il contratto); 2 = "Next" (Avanti).

6. Viene avviata automaticamente l'installazione del modello, dopodiché viene visualizzata una finestra di dialogo di installazione finale. Fare clic su "Finish" (Fine) per uscire dalla procedura di installazione guidata (Figura 41).

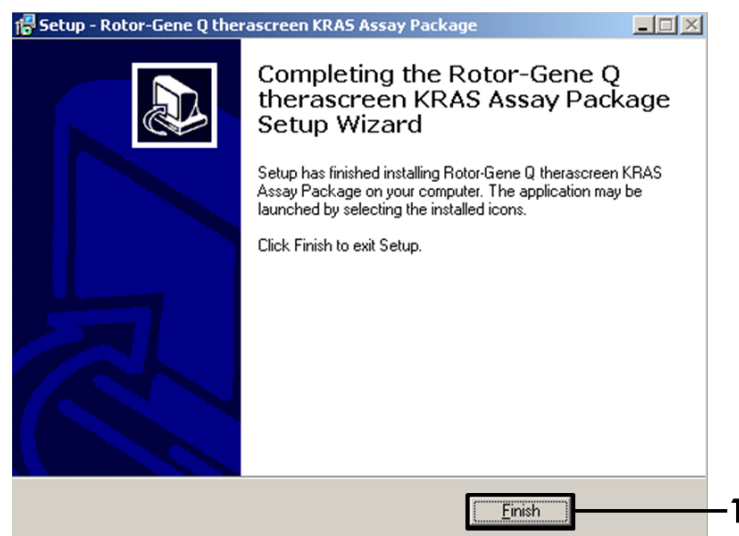


Figura 41. Completamento dell'installazione guidata.

7. Riavviare il computer. Vengono creati automaticamente sul desktop i collegamenti a "therascreen KRAS QC Locked Template" e a "therascreen KRAS Locked Template".

Informazioni per gli ordini

Prodotto	Indice generale	N° cat.
<i>therascreen</i> KRAS RGQ PCR Kit (24)	Per 24 reazioni: 1 saggio di controllo, 7 saggi di mutazione, controllo positivo, acqua, <i>Taq</i> DNA polimerasi	874011
<i>therascreen</i> KRAS Assay Package CD (versione 3.1.1)	Pacchetto di protocolli software da utilizzare con il kit <i>therascreen</i> KRAS RGQ PCR e con gli strumenti QIAGEN Rotor-Gene Q MDx e un rotore a 72 pozzetti	9023675
Rotor-Gene Q e accessori		
Rotor-Gene Q MDx	Ciclatore per PCR real-time e analizzatore HRM (High Resolution Melt) con 5 canali (verde, giallo, arancione, rosso, cremisi) più canale HRM, computer portatile, software, accessori, garanzia di 1 anno su parti di ricambio e manodopera, installazione e training non inclusi	9002032
Rotor-Gene Q MDx	Ciclatore per PCR real-time e analizzatore HRM (High Resolution Melt) con 5 canali (verde, giallo, arancione, rosso, cremisi) più canale HRM, computer portatile, software, accessori, garanzia di 1 anno su parti di ricambio e manodopera, installazione e training	9002033
Loading Block 72 × 0.1 ml Tubes	Blocco in alluminio per l'allestimento manuale delle reazioni con una pipetta a canale singolo in provette da 72 × 0,1 ml	9018901
Strip Tubes and Caps, 0.1 ml (250)	250 strisce di 4 provette e tappi per 1000 reazioni	981103
Strip Tubes and Caps, 0.1 ml (2500)	10 × 250 strisce di 4 provette e tappi per 10.000 reazioni	981106

Prodotto	Indice generale	N° cat.
QIAamp DNA FFPE Tissue Kit (per la purificazione del DNA genomico da tessuti inclusi in paraffina)		
QIAamp DNA FFPE Tissue Kit (50)	Per 50 preparazioni di DNA: colonne QIAamp MinElute®, proteinasi K, tamponi e provette di raccolta (2 ml)	56404

Per le informazioni aggiornate sulla licenza e le clausole di esclusione della responsabilità per i singoli prodotti, consultare il manuale del kit QIAGEN specifico o il manuale utente. I manuali dei kit QIAGEN possono essere scaricati dal sito **www.qiagen.com** o richiesti al servizio di assistenza tecnica QIAGEN o al distributore locale.

Cronologia delle revisioni

Cronologia delle revisioni del documento	
R4 01/2019	Aggiunto Rappresentante autorizzato (prima di copertina). Sezione "Simboli" aggiornata. Modello aggiornato.

Pagina lasciata vuota intenzionalmente.

Pagina lasciata vuota intenzionalmente.

Pagina lasciata vuota intenzionalmente.

Marchi commerciali: QIAGEN®, Sample to Insight®, QIAamp®, MinElute®, Rotor-Gene®, Scorpions®, *therascreen*® (Gruppo QIAGEN); ARMS® (AstraZeneca Ltd.); FAM™, HEX™ (Thermo Fisher Scientific, Inc.).

I marchi registrati, i marchi di fabbrica ecc. utilizzati in questo documento, anche se non indicati in modo specifico come tali, non devono essere considerati non protetti dalla legge.

Non per uso con campioni di feci.

Non per uso con campioni di urina.

Non per uso con acido nucleico extra-cellulare da un campione di sangue.

Non per uso con campioni di midollo osseo privi di cellule.

Non per uso con campioni di saliva.

ACQUISTANDO QUESTO PRODOTTO SI ACQUISISCONO I DIRITTI, NELL'AMBITO DI DETERMINATI BREVETTI ROCHE, ALL'USO DEL PRODOTTO ESCLUSIVAMENTE AI FINI DELLA FORNITURA DI SERVIZI DI DIAGNOSTICA UMANA IN VITRO. NON SI ACQUISISCE TUTTAVIA NESSUN'ALTRA LICENZA DI NESSUN TIPO, AD ECCEZIONE DEL SUDDETTO DIRITTO SPECIFICO ALL'USO DERIVANTE DALL'ACQUISTO.

Contratto di licenza limitata per il kit *therascreen* KRAS RGQ PCR

L'utilizzo di questo prodotto comporta per l'acquirente o l'utente del prodotto l'accettazione dei seguenti termini:

1. Il prodotto può essere utilizzato esclusivamente in conformità ai protocolli forniti insieme al prodotto e al relativo manuale e soltanto con i componenti contenuti nel rispettivo Kit. QIAGEN non concede nessuna licenza, nell'ambito della sua proprietà intellettuale, per l'utilizzo o l'integrazione dei componenti di questo kit con qualsiasi componente non incluso in questo kit, fatta eccezione per i protocolli forniti con il prodotto, il presente manuale e i protocolli aggiuntivi disponibili sul sito www.qiagen.com. Alcuni protocolli aggiuntivi sono stati messi a punto da utenti QIAGEN a beneficio degli utenti QIAGEN. Si tratta di protocolli che non sono stati collaudati o ottimizzati da QIAGEN. QIAGEN non offre nessuna garanzia in merito alla violazione di eventuali diritti di terzi.
2. Al di là delle licenze espressamente dichiarate, QIAGEN non fornisce nessuna garanzia che questo kit e/o l'uso o gli usi dello stesso non costituiscano violazione dei diritti di terzi.
3. Questo kit e i relativi componenti sono concessi in licenza per un unico uso e non possono essere riutilizzati, rinnovati o rivenduti.
4. QIAGEN nega espressamente qualsiasi altra licenza, esplicita o implicita, ad eccezione delle licenze espressamente dichiarate.
5. L'acquirente e l'utente del kit acconsentono a non intraprendere e a non permettere a nessun altro di intraprendere qualsiasi iniziativa che possa determinare o agevolare qualunque azione di cui si fa divieto sopra. QIAGEN farà valere i divieti di questo Contratto di licenza limitata presso qualsiasi foro e otterrà il risarcimento di tutte le spese sostenute a scopo di indagine e consulenza legale, ivi comprese le parcelle degli avvocati, con riferimento a qualsiasi causa legale intentata per fare rispettare questo Contratto di licenza limitata o qualsiasi altro diritto di proprietà intellettuale correlato a questo kit e/o ai relativi componenti.

Per i termini di licenza aggiornati, visitare il sito www.qiagen.com.

HB-1861-004 1116068 01-2019 © 2019 QIAGEN, tutti i diritti riservati.

Ordini www.qiagen.com/contact | Assistenza tecnica support.qiagen.com | Sito web www.qiagen.com

